



Title	Untersuchungen über die Statistische Vererbung des Kokongewichts von Seidenraupen. Bombyx mori L
Author(s)	NAKADA, Tohru
Citation	Journal of the Faculty of Agriculture, Hokkaido University, 58(2), 101-201
Issue Date	1975-12
Doc URL	<a href="http://hdl.handle.net/2115/12896">http://hdl.handle.net/2115/12896</a>
Type	bulletin (article)
File Information	58(2)_p101-201.pdf



[Instructions for use](#)

# UNTERSUCHUNGEN ÜBER DIE STATISTISCHE VERERBUNG DES KOKONGEWICHTS VON SEIDENRAUPEN, *BOMBYX MORI* L.

Tohru NAKADA

(Serikologisches Institut der Landwirtschaftlichen Fakultät der  
Hokkaido-Universität zu Sapporo, Japan)

Eingegangen am 9, Okt. 1974

## Inhalt

Einleitung . . . . .	102
Material und Methode . . . . .	106
Ergebnisse und Diskussion . . . . .	108
Kapitel 1. Mathematische Analyse des Kokongewichts . . . . .	108
1) Prüfung auf die Normalität der Verteilung . . . . .	109
2) Korrelation und Regression zwischen Charakteren . . . . .	117
3) Korrelation zwischen Versuchen . . . . .	121
4) Unterschied zwischen Geschlechtern . . . . .	126
5) Einfluß von 2. Chromosom auf das Kokongewicht . . . . .	130
6) Erblichkeitsanteil . . . . .	132
Kapitel 2. Unterschied des Kokongewichts in verschiedenen Phänotypen . . . . .	134
1) 1. Chromosom (Geschlechtschromosom) . . . . .	136
2) 2. Chromosom . . . . .	144
3) 3. Chromosom . . . . .	159
4) 4. Chromosom . . . . .	162
5) 7. Chromosom . . . . .	164
6) 10. Chromosom . . . . .	165
7) 11. Chromosom . . . . .	167
8) 13. Chromosom . . . . .	172
9) 14. Chromosom . . . . .	173
10) 17. Chromosom . . . . .	174
Kapitel 3. Die geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts . . . . .	176
1) Unterschied zwischen Geschlechtern beim F <sub>1</sub> -Bastard . . . . .	177
2) Variabilität bei der Rückkreuzungsgeneration . . . . .	181
3) Zusammenhänge mit der praktischen Rasse . . . . .	183
4) Zusammenhänge mit der Polyloidie . . . . .	185
5) Simulation bezüglich der Genanalyse . . . . .	188
Zusammenfassung . . . . .	195
Danksagung . . . . .	198
Literatur . . . . .	198

### Einleitung

Die allgemeinen Forschungen über die Seidenraupen *Bombyx mori* sind in den letzten Jahren mit der Entwicklung der Seidenindustrie sehr weit fortgeschritten, so daß als Resultat eine vermehrte Seidenernte je nach Individuum zu vermerken ist. Nun, die Seidenproduktion ist an sich ein quantitativer Charakter, und dieser Phänotypussatz sollte wie ein allgemeiner qualitativer Charakter von Vererbungsfaktoren und Lebensumständen kontrolliert werden. Die Grundlagenforschungen auf dem Gebiet der Regulierung der Lebensumstände sind zahlreich veröffentlicht worden und haben bisher erfreuliche Resultate, und die geeigneten Bedingungen für die Zucht der Seidenraupen sind seit langem beim mikroklimatischen oder Ernährungsfaktor genau erforscht und bereits festgestellt. Im Gegensatz zu den obigen Ergebnissen, sind noch viele ungelöste Probleme im Gebiet der Vererbung vorhanden. In Anbetracht eines solchen Fortschritts ist besonders die Vererbung des quantitativen Charakters am wenigsten geklärt, denn das ist sehr schwierig den Grund der Sache genau zu prüfen und ihr Theorem aus denselben Prüfungen gilt oft nur in einem begrenzten Bereich.

Als Methoden vererblicher Verbesserung könnte man wohl vermuten: Reinelinientrennung, Kreuzungszüchtung, Mutationszüchtung usw. Das Ziel der Reinelinientrennung ist den Homozygoten aus den gemischten Genotypenpopulationen zu spalten, und zwar ist das die grundlegende Handhabung im Vergleich mit anderen Methoden und findet mehr oder weniger in voraus der Kreuzungszüchtung statt. Bei der Selbstbefruchtung vermehrt sich das Verhältnis von Homozygoten allmählich, d. h., wenn mehrere Genpaare in Betracht kommen, finden wir das Verhältnis nach der Formel  $((2^n - 1)/2^n)^m$ , wobei  $n$  die Zahl der Generationen und  $m$  die Zahl der Genepaare bedeutet, aber bei der Kreuzbefruchtung variiert stets das Genotypus an sich durch die Rekombination, so ist die Methode von der Reinelinientrennung nicht einfach, jedoch kann es oft eine merkwürdige Wirkung durch die Auslese zu der bestimmten Richtung zeigen. Die zweite Methode von Kreuzungszüchtung ist sehr wichtig bei Seidenraupen sowie bei Mais *Zea mais* im Pflanzenreich, weil  $F_1$ -Bastarde häufig an verschiedenen Charakteren ihre Eltern übertreffen. Der erstaunliche Fortschritt der Seidenindustrie wurde von der Annahme dieser Methode, nämlich von der allgemeinen Ausbreitung der Zucht des  $F_1$ -Bastards gebracht. Bis jetzt wird hauptsächlich die Doppelkreuzung erprobt, um die beste Kombination zwischen verschiedenen praktischen Rassen zu finden. Die dritte Methode ist weiterhin Untersuchungen erwünscht, aber die Rasse, die von Mutation des Chromosoms durch die

reziproke Translokation in Seidenraupen gemacht wurde, ist von großem praktischem Nutzen, um das Geschlecht der Larve in der früheren Zeit zu unterscheiden, bereits gelungen (TAJIMA 1941–1943, HASHIMOTO 1948, TAJIMA, HARADA und OTA 1951). Diese Forschung ist ein Japan eigenes Forschungsgebiet und zeigt einen bemerkenswerten Effekt in der Genetik. Obwohl eine bemerkenswerte Erhöhung der Seidenproduktivität durch die Annahme der Kreuzungszüchtungsmethode zu beobachten ist, gibt es viele Punkte, die noch weiter geklärt werden müssen, in bezug auf die Vererbung des praktischen quantitativen Charakters. So ist die planmäßige Züchtungshandlung noch schwierig aus Mangel an Kenntnissen in diesem Problem, und eine Anwendung ihrer Züchtungstheorie zu anderen Tieren ist noch nicht möglich.

Der Schwerpunkt bei der Gewinnung des Versuchsergebnisses liegt in der Zucht der Seidenraupen, so beschreibt der Autor zusammenfassend Lebensgeschichte und Zuchtbedingungen. Die Eier werden unter geeigneten Bedingungen während des Winters achtsam bewahrt, und die Ausbrütung der Eier unter der Temperatur von 23°C bis 25°C in wärmeren Räumen ausgeführt, wo die Larven nach etwa 10 Tagen auskriechen. Die künstliche Ausbrütungsmethode wird für die Sommergeneration durch die Anwendung von Salzsäure verwendet. Die Zuchtbedingungen der Larven müssen unter der Temperatur von 23°C bis 25°C und unter der Feuchtigkeit von 70% bis 90% nach Verlauf der Raupe geändert werden, indem sie durch Verzehren reichlichen Mengen der Maulbeerblätter wachsen und nacheinander vier Häutungen unterliegen. Am Ende ihres Wachstums besitzt sie eine Größe von etwa 8 cm, während ihr Gewicht sich um das 10000 fache vermehrt hat und von 5 g bis 8 g beträgt. Sie hört auf zu fressen, wenn sie am 7 oder 8 Tage nach der vierten Häutung ihre völlige Reife der Seidendrüse erlangt hat. Sie klettert dann auf zu diesem Zweck hergerichteten dürres Stroh und spinnt dort ein. Dabei sondert sie die Seide in feinsten Fädchen ab, und auf diese Weise entsteht der Kokon, in dessen Inneren die Puppe liegt. Die Erzeugung der Seidenmasse geschieht in zwei röhrenähnlichen Drüsen, die zu beiden Seiten des Körpers liegen. Jede Drüse endigt auf der hinteren Seite in einem schmalen gewundenen Sekretionskanal für das Fibroin, während vom vorderen Teil ein Ausführungskanal abgeht. Das Fibroin wird als homogene Masse im Sekretionskanal erzeugt, wie oben erwähnt, und tritt in die Mitteldrüse ein, wo es vom Serizin umhüllt wird, welcher in der Mitteldrüse selbst abgesondert wird. In diesem wird der Seidenfaden kontrahiert, und zwar die Fibroin- und Serizinschicht verschieden. Die Schmetterlinge kommen nach etwa 10 Tagen nach der Verpuppung

aus, und sie legen Eier auf die Eierkarte.

Diese Eigenschaften bezüglich auf die Seidenproduktion können im allgemeinen in Zahl oder Quantität ausgedrückt werden, so nennt man sie die quantitativen Charaktere, und ihre Vererbung ist bisher noch nicht zufriedenstellend erklärt worden, indem sie leicht von der Umwelt beeinflußt wird. Diese Charaktere sind z. B. Frühreifheit und Gesundheit der Larve, Kokongewicht, Auflösung des Kokons, Länge und Natur des Seidenfadens usw. Die Frühreifheit bedeutet die Länge des Umlaufs der Larve bezüglich auf der Zucht, und wenn die Larve früher wachsen kann, macht das sich nützlich durch die Vermeidlichkeit aus ihrer eigentlichen höheren Sterblichkeitsziffer. Auf der anderen Seite ist die Spätreifheit vor allem durch ihre Seidenproduktivität hervorragend. Weil die Seidendrüse der Larve in der letzten Hälfte des fünften Stadiums sehr schnell gewachsen ist, muß die Länge des letzten fünften Stadiums wichtiger sein. In bezug auf die Gesundheit zeigen die Seidenraupen eigentlich ein höheres Mehrgebärt und eine höhere Sterblichkeitsziffer als andere Lepidoptere. Ihre Sätze schwanken meistens der Umwelt entsprechend, so ist es recht schwierig, eine bestimmte Beziehung zu finden, aber der Unterschied von Gewinnung der Festigkeit zu einigen Krankheiten oder hoher Temperatur läßt sich mehr oder weniger je nach den verschiedenen Rassen annehmen. Das Kokongewicht ist allgemein fundamental für die Seidenproduktion in allen quantitativen Charakteren, und besteht aus der Kokonschicht, die das Abgesonderte der Larve ist, und die Puppe, die durch Verpuppung der Larve entsteht. Die Korrelation zwischen beiden Charakteren ist im allgemeinen positiv, nämlich je größer die Puppe wird, desto schwerer wird ihr Kokonschichtgewicht. Aus der landwirtschaftlichen Produktivität ist vor allem das höhere Verhältnis des Kokonschichtgewichts erforderlich. So ist die Zuchtwahl in diesem durchgeführt worden, und seine Sätze haben sich allmählich vergrößert, aber sie haben sich neuerdings nicht mehr geändert. Es handelt sich um den Typus des Kokons in seiner Auflösung in bezug auf die Seidenmanufaktur, und das ist im allgemeinen eigentümlich bei der japanischen Rasse, die eine schiefe Einschnürung zeigt und im Verhältnis der Auflösung gewöhnlich nachgestanden ist. Diese Eigentümlichkeit in diesen Rassen hat sich wahrscheinlich allmählich durch eine künstliche Zuchtwahl zu einem solchen Typus entwickelt. Im Gegenteil haben die chinesischen und europäischen Rassen, deren Typus elliptisch oder dem Strohsack ähnlich ist, im Prozent desselben Charakters übertroffen. Diese Frage kommt von der Reinelinientrennung je nach den Rassen her, um Heterosis in hohem Maße zu benutzen. Die Fadenlänge bedeutet die Länge einzelner Kokons

und sie ist neulich öfters über etwa 1500 m gewachsen, und das wurde noch weiter verbessert. Der Grad der Fadenfeinheit läßt sich in der Einheit „denier“ ausdrücken. Das bezieht sich nicht nur auf die Dicke, sondern auch auf das Gewicht des Fadens, so je länger die Fadenlänge wird, desto dünner wird der Faden, und anderseits je kürzer jene wird, desto dicker wird dieser, wenn die beiden Gewichte genau gleichwertig im Vergleich des Kokonschichtgewichts sind. In bezug auf die Qualität des Seidenfadens gibt es einige Charaktere, und sie verändern sich hauptsächlich unter gezüchteten Bedingungen, aber diese Fragen seien darum hier ausgelassen. Das Eierlegen, dessen Zahlen natürlich je mehr, desto besser sind, ist in der Fortpflanzung ein wichtiger Charakter, nämlich, wenn auch seine Größe ein wenig kleiner wäre, würde das kein heftiger Mangel sein, und das stimmt gar nicht überein mit dem Legehuhn. Es gibt bei jedem Fall mehr oder minder Vererbungs- und Umgebungskorrelation zwischen obenerwähnten Charakteren, so kann die Zuchtwahl eines Charakters den anderen beeinflussen. Also muß man besorgt den Versuch unter einer der Zuchtwahl entsprechenden Umwelt anstellen.

Der Autor hat dann vor allem das Kokongewicht, das ein fundamentaler wichtigster Charakter ist, in diesen obenerwähnten Charakteren angenommen, denn Berichte, die dies wissenschaftlich untermauern würden, sind kaum zu finden, obwohl merkwürdige Seidenernten bereits festgestellt worden sind. In dem vorliegenden Bericht wird die Analyse seiner vererblichen Phänomene bezüglich darauf mit einer großen Menge von Daten durch verschiedenen Kreuzungen versucht. Zuerst wurden einige numerischen Eigentümlichkeiten des Kollektivs über die Streuungsverhältnisse nämlich Häufigkeitsverteilung und Moment untersucht, und weiter sind Korrelation und Regression zwischen Puppen- und Kokonschichtgewicht angenommen, und noch weiter ihre Sätze zwischen Charakteren oder Geschlechtern in die Subpopulationen abteilend analysiert worden. Der Erblichkeitsanteil wurde zunächst berechnet, um Additionswirkung der Gene in bezug auf den Ausdruck des quantitativen Charakters nachzuweisen, und das konnte genau angenommen werden. Also fand der Versuch Streuungserlegung statt, um die Einzelheiten des Verhältnisses klarzumachen, indem der Grad des Effektes je nach dem Chromosom, auf denen einige Merkmalgene liegen, in vielen verschiedenen Kombinationen der Kreuzung durchgeführt wurde. Nach gründlichen Untersuchungen davon wurden klar, daß der Effekt eines Chromosoms öfter in hohem Grade unterschiedlich ist, und wegen des Einflusses der Umwelt zeigen die Ergebnisse sogar ziemliche Unterschiede. In Verbindung damit treten verschiedene Probleme auf, und was dabei am

problematischsten ist, ist die geschlechtsgebundene Vererbung, die von einem Gen auf dem X-Chromosom beeinflußt worden ist, und Genlage bezüglich auf dieser Erscheinung wurde weiter durchgeführt. Die Berechnungen nach diesen Methoden sind im allgemeinen sehr mühselig und schwierig wegen ihrer Gleichung und wegen ihrer großen Menge von Daten, also wurde auf die Verfügung bei Statistikberechnungen verwendet.

### Material und Methode

Die verwendeten Rassen sind langfristig in unserem Institut erhalten worden, während ein gewisser Kreis der Rassen von der Serikologische Experiment Station des Ministeriums der Land- und Forstwirtschaft in Kobutizawa überlassen worden ist. Ihre hauptsächlichsten Merkmale werden in der folgenden Tabelle gezeigt.

Hauptsächlichste Charaktere der verwendeten Rassen

Rasse	Eierfarbe	Larvalfarbe	Kokonfarbe	relatives Kokongewicht
D: Daizo	schwarz	normal	grünlich gelb	leicht
T: Tw1	weiß	weiß	weiß	mittel
S: SSY	schwarz	schwarzgestreift	gelb	leicht
K: Kw1	weiß	normal	weiß	mittel
C: C116	schwarz	♀ dunkel, ♂ weiß	weiß	schwer
O: Nos	schwarz	öligdurchsichtig	gelb	mittel
L: TL	schwarz	braunpunkt	weiß	leicht
R: re	rot	schwarzgestreift	weiß	leicht
A: Ascoli	schwarz	zebraartig	rötlich gelb	mittel
E: Eq	rot	gesprenkelt	weiß	leicht
U: UK	schwarz	schwärzlich	weiß	mittel
P: Pb	weiß	teilweisebraun	weiß	mittel

Der vererbliche Hintergrund der tabellarischen wird wie unten gegeben. In der Eierfarbe dominiert der schwarze Charakter über den weißen und roten, aber sie sind nicht miteinander multiple Allele, sondern werden von Genen auf anderen Chromosomen kontrolliert. Ein Gen liegt z. B. bezüglich auf den Ausdruck der roten Eier auf dem fünften Chromosom, während es verschiedene Gene in den Weißeiern gibt, nämlich  $w_1$  Gen auf dem zehnten Chromosom (Rasse K),  $w_2$  Gen auf demselben Chromosom (Rasse T) und  $pe$  Gen auf dem fünften Chromosom (Rasse P) usw. Bei der Kreuzung zwischen dem roten und dem weißen Charakter zeigt sich also der schwarze in  $F_1$ -Bastard, und ihre Phänotypen sind getrennt nach der folgenden

Generation. Auch bei der Kreuzung zwischen Rassen in weißen Phänotypen ist die vererbliche Erscheinung ziemlich kompliziert, und ihre Kompliziertheit besteht öfters in mütterlicher Vererbung durch  $w_1$  Gen. Indem in der Larvalfarbe der normale, der drei Wappen hat, dominant für den weißen und rezessiv für den schwarzen ist, gehören ihre Gene miteinander unter multiplen Allelen auf dem zweiten Chromosom, wie allgemein bekannt ist, nämlich sie sind auf der identischen Genlage gelegen. Außer diesem sind einige Gene angenommen worden, besonders hat Rasse C ein spezielles Y-Chromosom, auf dem ein dunkeler Larvalfarbentfaktor künstlich transloziert worden ist, um das Geschlecht in der frühen Larvalzeit leicht unterscheiden zu können. Diese Erscheinung nennt man die geschlechtsbeschränkte Vererbung, und das ist bis jetzt in einigen Genen bezüglich auf der Larvalfarbe und der Eierfarbe praktisch verwendet worden. Die vererbliche Erklärung bei anderen Genen werden hier ausgelassen, und ihre Einzelheiten werden in dem entsprechenden Kapitel geklärt. In der Kokonfarbe ist der gelbe dominant für den weißen und ihre Genlage ist auf dem zweiten Chromosom wie Larvalfarbe, so zeigen die beiden Charaktere deshalb ein Kopplungsverhältnis. Dieses Kopplungsverhältnis spielt eine wichtige Rolle bei der Erklärung der Verbreitung der quantitativen Gene auf demselben Chromosom. Das Kokongewicht der untersuchenden Rassen ist zwar außerordentlich leichter als bei den praktischen Rassen. Seine relativen Werte sind tabellarisch zusammengefasst.

Jede Rasse wurde hauptsächlich je nach den leiblichen Geschwistern getrennt gezüchtet und 2 oder 3 Generationen jährlich wiederholend durch Inzucht vermehrt. Eierbewahrung während des Winters wurden mit der allgemeinen Methode fortgesetzt, und gebrauchende Eierausbrütungsmethode vor der Zucht der Frühlingsgeneration wurde unter der Temperatur von  $23^{\circ}\text{C}$  bis  $25^{\circ}\text{C}$  unter der dunkelen Bedingung ausgeführt. Die künstliche Ausbrütungsmethode, die durch die Anwendung von Salzsäure weit bekannt ist, wurde für die Zucht der Sommer- und Herbstgeneration verwendet, denn verwendete Rassen können nicht ohne dieses Vorgehen auskriechen. Die Kontrolle der Zuchtbedingungen wurde unter der Temperatur von  $26^{\circ}\text{C}$  bis  $28^{\circ}\text{C}$  und unter der Feuchtigkeit von 80% bis 90% bei früher Larvalperiode von ersten bis dritten Stadien, und von  $23^{\circ}\text{C}$  bis  $25^{\circ}\text{C}$  und 70% bei den letzten vierten und fünften Stadien durchgeführt. Die Gleichmäßigkeit der Zuchtbedingungen wurde besonders in der Menge der Maulbeerblätter besorgt. Am Anfang des vierten Stadiums wurde die künstliche Zuchtwahl getrieben, um die bestimmte Dichtigkeit der Seidenraupen zu erhalten, weil die Bastardrassen besonders infolge ihres höheren Ausbrütungs-

prozentsatzes eine übergroße Bevölkerungsdichte zeigen. In den Versuchen, die die Spaltung der larvalen Charakters zu verschiedenen Phänotypen zeigen soll, wurden die Larven am Anfang ihrer Seidenabsonderung getrennt. Nachdem die Seidenraupen ihre Kokons eingesponnen und ihre Verpuppungen geschlossen hatten, began das Abwiegen jedes einzelnen Kokongewichts in cg. Gerade nach der Verpuppung vermindert sich das Puppengewicht rasch und hält dann in der Mittelperiode stabil Gleichgewicht, danach vermindert es sich wieder, so muß das Abwiegen in der begrenzten Zeit schnell getrieben werden. Das Kokon besteht aus Puppe, Kokonschicht und abgeworfene Larvenhaut, aber diese Haut ist zu leicht um in Frage zu kommen, so wurde das Puppen- und Kokonschichtgewicht einzeln für sich außer der Larvenhaut abgewogen. Die abgewogene Zahl wurde je nach Bedarf zu- und abgenommen, z. B. in den Reinelinien und  $F_1$ -Bastardrassen ist die Zweckzahl 50 Individuen und in  $F_2$ -Bastarden und Rückkreuzungsrassen wurde oft das Ganze genommen.

Die gewonnenen Data wurden statistisch mit der elektronischen Rechenmaschine der Hokkaido Universität analysiert. Einzelheiten der Statistikberechnung werden im entsprechenden Kapitel berichtet. Die verwendeten statistischen Methode und Terminolgien wurden aus vielen Schriftwerken genommen (BLISS 1967, 1970, CHIKUSHI 1972, FALCONER 1964, FINNEY 1964, FISHER and YATES 1963, FORD 1964, GOLDSCHMIDT 1928, GOULDEN 1952, HIORTH 1963, KEMPTHORN 1957, LINDER 1964, MATHER 1949, 1967, PEARCE 1965, REMINGTON and SCHORK 1970, SMITH 1966, 1969, ÜBERLA 1968, VAN DER WAERDEN 1957, WEBER 1935, WEINBERG 1968).

## Ergebnisse und Diskussion

### Kapitel 1. Mathematische Analyse des Kokongewichts

In diesem Kapitel wurden die ungeheueren Daten unter verschiedenen Gesichtspunkten mathematisch analysiert. Die Beschäftigung mit der Analyse der Population in Biologie setzt gewisse statistische Kenntnisse voraus, z. B. die Berechnung von Mittelwert und Standardabweichung, die Symmetrie und die Steil- oder Flachgipfligkeit der Kurve, die Korrelations- und Regressionsrechnung usw.

Angenommen, man habe bei einer Gruppe von  $n$  Individuen der Seidenraupen zwei Variablen  $x$  (Puppengewicht) und  $y$  (Kokonschichtgewicht) abgewogen. Es liegen dann die Einzelwerte  $x_1, x_2, \dots, x_n$  und  $y_1, y_2, \dots, y_n$  vor. Der wichtigste ist der Mittelwert  $\bar{x}$  oder  $\bar{y}$ , den man erhält, indem man die Einzelwerte addiert und durch  $n$  teilt. Das Summenzeichen wurde

manchmal lediglich mit  $\Sigma$  ausgedrückt, so ist dies formelmäßig in  $\Sigma x/n$  oder  $\Sigma y/n$  gegeben.

Außer dem Mittelwert benötigt man die Summe der Abweichungsquadrate, die die Summe der Abweichungen der Einzelwerte von ihrem Mittelwert ist, wie der Name besagt. Teilt man sie durch  $n-1$ , die sog. Freiheitsgrade, dann erhält man die Varianz. Ihre Wurzel wird die Standardabweichung genannt, und das ist ein Maß für die durchschnittliche Abweichung der Einzelwerte von ihrem Mittelwert. Ebenso kann man die Werte von dem höheren Moment auf die Bestimmung des Typus der Häufigkeitsverteilung in einer Population nützlich verwenden.

Es wird nun die Frage gestellt, wie man aus einer der beiden Gewichte die anderen schließen kann. Diese Fragestellung ist nämlich Regression. Die Wertepaare  $(x, y)$  jedes Individuums sind als Punkt in der graphische Darstellung eingezeichnet. Aus diesem Punktschwarm kann man Regressionsgrade von  $x$  auf  $y$  in der geraden Linie schließen. Im Diagramm wird Korrelation auch klargestellt, deren Koeffizient ein Maß für die Straffheit des wechselseitigen Zusammenhanges zwischen zwei abgewogenen Charakteren ist. Einzelheiten dieser Frage werden unten behandelt.

Zuerst wurden die Werte in bezug auf das Typus der Häufigkeitsverteilung in der großen Population bei der Rasse D und zunächst wurde Regression zwischen Puppen- und Kokonschichtgewicht je nach der getrennten kleinen Subpopulation berechnet, und zugleich wurde die gesamte Regression zwischen einigen Durchschnittswerten von diesen Populationen geprüft. Weiter wurde der Wert im Verhältnis von Männchen zu Weibchen verglichen, um die Eigentümlichkeit in den verwendeten Rassen zu finden. Zuletzt wurde der Erblichkeitsanteil, der den Grad erblicher Effekte in Varianzkomponenten in einer Population zeigen soll, auch bei der Rasse D berechnet.

### 1) Prüfung auf die Normalität der Verteilung

Zuerst wurden die großen Daten beobachtet, um die Eigentümlichkeit der Grundgesamtheit im Kokongewicht zu bestätigen, und dadurch ist das Ziel der Untersuchungen den Grund zu vermuten, woraus dieselbe Population bestehen könnte.

Rasse D wurde auf die gemischte Weise gezüchtet und als Stichprobe in 2000 Individuen je nach den Geschlechtern beim zufälligen Stichprobenverfahren nach der bereits beschriebenen Methode angenommen. Dieselben Individuen sind die größte Zahl, die man in sehr begrenzter Zeit der Puppenperiode unter bestimmten Bedingungen abwiegen kann, und das ist

genug in der Vermutung des Stichprobenfehlers. Wenn man weiter die Daten vermehrt, würde der Fehler außer der Stichprobe selbst auch vergrößert, nämlich der Fehler über Abwägung und Einschreibung usw.

Einige Häufigkeitsverteilungen von diesen großen Daten sind figuriert und die erhaltenen Werte, die die Kollektive zeigen, sind Mittelwert, Mode und Median, wobei der Mittelwert das arithmetische Mittel ist. Da man dadurch die Nachricht über Streuungsverhältnisse der Stichprobe nicht erhalten kann, so wurden Umfang, Standardabweichung und Varianz analysiert, und weiter aus der Gültigkeit der Analyse, da diese Daten so groß sind, wurden die Werte, die den Grad der Schiefeit und Konzentrierung der Verteilung zeigen, von Moment dritten und vierten Grades berechnet. Die Bedeutung dieser Analyse ist einen Maßstab in bezug auf die Symmetrie und Sammlung der Masse klarzustellen, und wenn ihre Abweichungswert  $g_1$  und  $g_2$  sich 0 nähern, so bedeutet dies, daß die Masse Normalität ihrer Verteilung hat, und je größer ihr absoluter Wert wird, desto größer wird ihre Abweichung aus Normalverteilung. Die Abweichungswerte wurden

TABELLE 1-1-1. Korrelationstabelle zwischen  
Puppen- und Kokonschichtgewicht

(1967, Frühling, Rasse: Daizo Weibchen N=2000)

P	K											Gesamt			
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		16		
63- 66	1	2													3
67- 70		2	4	5	3	1									15
71- 74			5	8	14	5	2								34
75- 78			4	18	16	29	21	14	3						105
79- 82			2	27	35	61	46	21	5						197
83- 86			3	15	50	70	60	54	22	2					276
87- 90			1	11	46	78	101	72	32	5					346
91- 94				3	39	48	97	129	40	14	1				371
95- 98					13	35	59	76	55	23					261
99-102					6	22	31	48	43	36	3				189
103-106					2	10	15	26	28	18	7	1			107
107-110						3	6	12	18	11	8	2			60
111-114								1	5	10	4	1			21
115-118									1	2	3	5	2		13
119-122												1	1		2
Gesamt	1	4	19	87	224	362	438	454	253	122	29	7			2000

P : Puppengewicht in cg

K : Kokonschichtgewicht in cg

TABELLE 1-1-2. Korrelationstabelle zwischen Puppen- und Kokonschichtgewicht

(1967, Frühling, Rasse: Daizo Männchen N=2000)

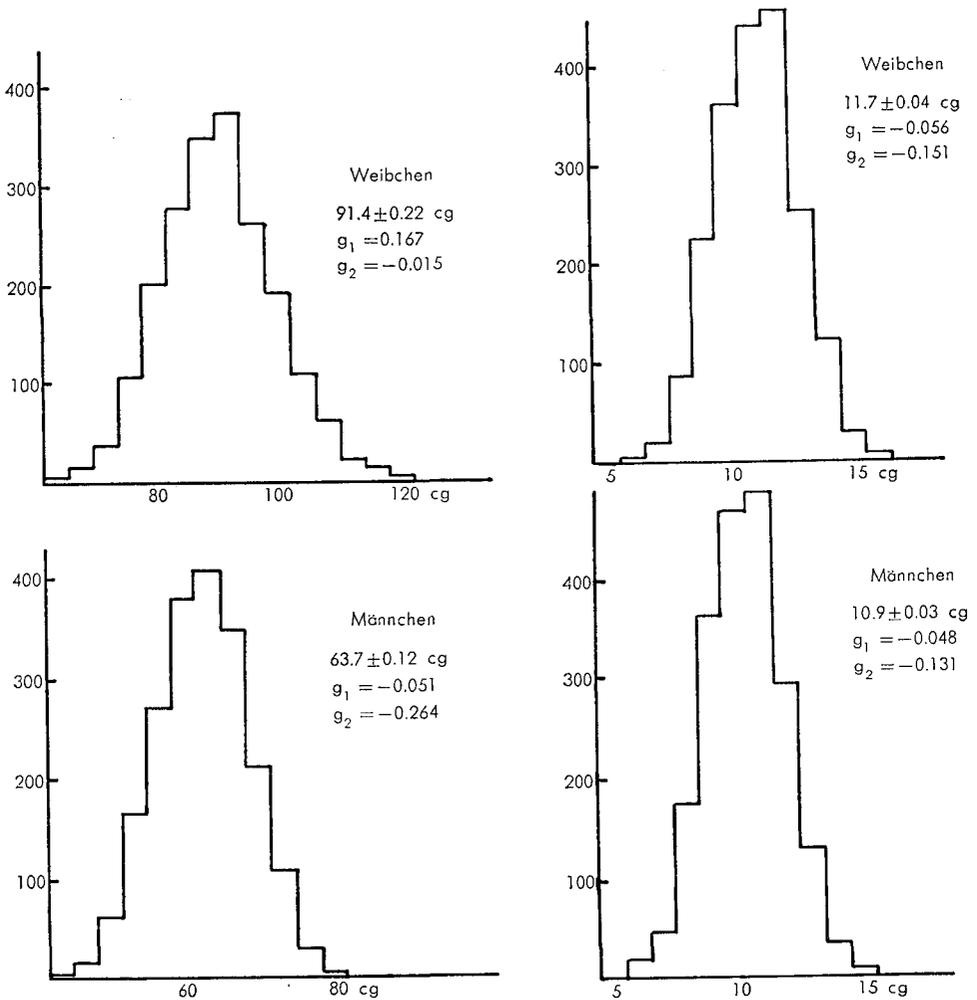
K	P											Gesamt	
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		
45-47		3	1	1									5
48-50	1	5	3	4	1								14
51-53		2	8	21	16	11	2						60
54-56		2	12	32	56	38	22	2					164
57-59			2	9	58	52	65	48	35	2			271
60-62				7	36	85	112	104	32	6			382
63-65				2	11	78	124	134	44	17	1		411
66-68				1	6	58	77	103	78	22	3		348
69-71					3	12	34	50	66	39	6		210
72-74						4	7	21	30	34	8		104
75-77								2	5	7	12	1	27
78-80											1	3	4
Gesamt	1	14	43	172	362	468	486	292	127	31	4		2000

P : Puppengewicht in cg

K : Kokonschichtgewicht in cg

durch *t*-Verfahren festgestellt, ob sie wirklich signifikant sind.

Die auf die oben beschriebene Weise erhaltenen Korrelationstabellen sind in Tabelle 1-1-1 und 1-1-2 dargestellt, und Figur 1-1-1 zeigt das Histogramm des Puppengewichts je nach den Geschlechtern. Nach all meinen Bemühungen sei hier hingewiesen auf die Schlußfolgerung, die sich auf die Erklärung der Grundgesamtheit von der statistischen Berechnung der größeren Daten bezieht. Es zeigt sich, daß ihr Mittelwert in sehr schmale Grenze aus dem Mittelwert der Stichprobe und ihrem Standardfehler bestehen soll (PEARSON und STEPHENS 1964). Aus dem Wert der Standardabweichung wurde die experimentelle Verteilung des Kokongewichts in einige Teile zerteilt (WATSON 1957), und ein Vergleich von experimentellem und theoretisch rechnerischem Ergebnis wurde mit der Methode von *Chi*<sup>2</sup>-Verfahren ausgeführt. Auf der Basis dieser Verfahren stimmt der experimentell ermittelte Wert ausgezeichnet überein mit dem theoretischen. Auch die Resultate von dem drei- und vierdimensionalen Moment, dessen Berechnung nach dieser Methode mühevoll ist, kann als eine rechte gute Näherung betrachtet werden und unterstützen die Normalität der Verteilung mit Ausnahme von einigen Daten. Also vorausgesetzt, daß die Datenzahl nach dem zufälligen Stichprobenverfahren *n* ist, ist der erwartete Wert des



**Figur 1-1-1.** Histogramm des Puppengewichts bei der gemischten Population (1967, Frühling, Rasse D, N=2000)

**Figur 1-1-2.** Histogramm des Kokonschichtgewichts bei der gemischten Population (1967, Frühling, Rasse D, N=2000)

Mittelwerts der Daten ( $\bar{x}$ ) gleichwertig mit dem Grundgesamtheitswert ( $\mu$ ), sowie kann sein Standardfehler  $s/\sqrt{n}$  angenommen werden, wobei  $s$  die Standardabweichung der Daten ist und anstatt  $\sigma$ , die eine Standardabweichung der Grundgesamtheit ist, eingesetzt wird. Es ist klar nach dem Theorem von Bernoulli und Laplace (COHEN 1957), daß der Wert  $\bar{x}$  zeigt eine Normalverteilung, wenn  $n$  ausreichend groß ist, auch wenn die Grundgesamtheit

keine Normalverteilung zeigt. Um diesen Punkt weiter zu klären, sei ein konkretes Beispiel geboten, nämlich in einer merkwürdig asymmetrischen Verteilung wie Exponentialverteilung nähert sich die Verteilung des Mittelwerts der Normalverteilung, wenn die ausgezogene Zahl vergrößert wird und sie über 50 hinübergeht.

Bei Seidenraupen gibt es einige Berichte nach Beobachtung von großen Daten auf ihren quantitativen Charakter. KUWANA (1937) hat nach dem Larven- und Puppengewicht der Rasse Syoko geforscht, und er berichtete die Normalität ihrer Verteilung nach der Abwägung von 750 bis 1000 Individuen. MIZUTA (1958) hat das Kokongewicht des praktischen  $F_1$ -Bastards  $C122 \times N122$  untersucht, und seine Ergebnisse zeigten öfters Abweichungen von der Normalität in der Verteilung der 1000 Individuen je

TABELLE 1-1-3. Momentstabelle des weiblichen Puppengewichts (1967, Frühling, Rasse: Daizo N=2000)

$x$	$f$	$d$	$fd$	$fd^2$	$fd^3$	$fd^4$
1	3	-7	- 21	147	-1029	7203
2	15	-6	- 90	540	-3240	19440
3	34	-5	-170	850	-4250	21250
4	105	-4	-420	1680	-6720	26880
5	197	-3	-591	1773	-5319	15957
6	276	-2	-552	1104	-2208	4416
7	346	-1	-346	346	- 346	346
8	371	0	0	0	0	0
9	261	1	261	261	261	261
10	189	2	378	756	1512	3024
11	107	3	321	963	2889	8667
12	60	4	240	960	3840	15360
13	21	5	105	525	2625	13125
14	13	6	78	468	2808	16848
15	2	7	14	98	686	4802
2000			-793	10471	-8491	157579
$a_1 = -0.3965$		$a_2 = 5.2355$		$a_3 = -4.2455$		$a_4 = 78.7895$
		$-a_1^2 = -0.1572$		$-3a_1 a_2 = 6.2276$		$-4a_1 a_3 = -6.7334$
				$2a_1^3 = -0.1246$		$6a_1^2 a_2 = 4.9381$
						$-3a_1^4 = -0.0741$
$v_1 = -0.3965$		$v_2 = 5.0783$		$v_3 = 1.8575$		$v_4 = 76.9201$

nach den Geschlechtern. Die Tatsache, mit der theoretischen Kurve nicht immer übereinzustimmen, muß einen Grund für sich haben. Im allgemeinen haben die praktischen Rassen F<sub>1</sub>-Bastarde eine Neigung, auf die schlechten Bedingungen empfindlich zu reagieren, weil sich ihr Vermögen in bezug auf die Seidenproduktivität hauptsächlich unter geeigneten Bedingungen vollständig entfaltet (MIZUTA und SATO 1965). Auch die Resultate meines Experiments stimmen weitgehend mit den obenerwähnten Ergebnissen überein und das Kokongewicht, das gewöhnlichen Zuchtbedingungen auf die

TABELLE 1-1-4. Berechnungsmethode von  $g_1$  und  $g_2$ 

	Gleichung	Wert
$k_2$	$N/(N-1)v_2$	5.0808
$k_3$	$(N^2/(N-1)(N-2))v_3$	1.8603
$k_4$	$(N^2/(N-1)(N-2))\left(\frac{(N+1)v_4-3(N-1)v_2^2}{N-3}\right)$	-0.3712
$k'_2$	$k_2-1/12$	4.9975
$k'_4$	$k_4+1/120$	-0.3629
$g_1$	$k_3/(k'_2)^{3/2}$	0.1665
$g_2$	$k'_4/(k'_2)^2$	-0.0145
$s(g_1)$	$\sqrt{\frac{6N(N-1)}{(N-2)(N+1)(N+3)}}$	0.0548
$s(g_2)$	$\sqrt{\frac{24N(N-1)^2}{(N-3)(N-2)(N+3)(N+5)}}$	0.1095

$v_2=5.0783$        $v_3=1.8575$        $v_4=76.9201$        $N=2000$

TABELLE 1-1-5. Normalität der Häufigkeitsverteilung  
bei der gemischten Population  
(1967, Frühling und Herbst, Rasse D, N=2000)

	PG ± SF	KG ± SF	PG		KG	
			$g_1$	$g_2$	$g_1$	$g_2$
Frühling ♀	91.4 ± 0.22	11.7 ± 0.04	0.1665	-0.0145	-0.0564	-0.1507
	♂	63.7 ± 0.12	10.9 ± 0.03	-0.0509	-0.2637	-0.0477
Herbst ♀	106.2 ± 0.22	14.3 ± 0.03	0.1372	-0.0560	0.0046	-0.0905
	♂	77.7 ± 0.13	13.4 ± 0.03	-0.0442	0.0017	-0.0413

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

SF: Standardfehler

gemischte Weise ausgeführt wird, nähert sich einer Normalverteilung. Auf der Basis dieser Experimente kann man einmal annehmen, daß die obige Bedingung, Varianzanalyse und statistische Vermutung mit dem zufälligen Stichprobenverfahren der Daten gültig auszuführen, im großen und ganzen erfüllt ist (GEKS 1952). Also wurde die Datenzahl allgemein auf 50 durch die Stabilität des Schemas bestimmt, und weiter hätte ihr nichts für eine praktische Anwendung im Wege gestanden, wenn sie auch mehr oder minder abgezogen wäre.

Was für ein Ergebnis kann man dann in den wirklichen kleinen Daten im Grad  $n=50$  erhalten? Das ist in einer Tabelle geboten und die bere-

TABELLE 1-1-6. Analyse des höheren Moments beim Kokongewicht und ihr  $t$ -Verfahren

(1965, Herbst, Rasse D, Weibchen,  $n=50$ )

	PG		KG		PG		KG	
	$g_1$	$g_2$	$g_1$	$g_2$	$t(g_1)$	$t(g_2)$	$t(g_1)$	$t(g_2)$
D- 1	0.265	0.729	0.099	0.170	0.788	1.102	0.294	0.257
D- 2	-0.219	-0.421	-0.361	-0.276	0.651	0.636	1.073	0.417
D- 3	-0.065	-0.876	-0.076	-0.812	0.193	1.324	0.225	1.227
D- 4	0.228	0.284	-0.289	-0.229	0.678	0.429	0.859	0.346
D- 5	0.196	0.598	-0.514	1.014	0.581	0.903	1.526	1.532
D- 6	0.298	-0.176	0.029	-0.397	0.877	0.267	0.086	0.600
D- 7	0.078	-0.727	-0.204	-0.272	0.232	1.099	0.607	0.412
D- 8	0.048	-0.917	-0.134	-0.454	0.144	1.386	0.398	0.685
D- 9	0.090	-0.135	-0.155	0.041	0.266	0.204	0.459	0.062
D-10	-0.321	-0.244	0.148	-0.222	0.955	0.368	0.440	0.336
D-11	0.407	-0.180	-0.105	-0.283	1.208	0.272	0.313	0.428
D-12	-0.053	-0.385	-0.380	-0.215	0.156	0.582	1.128	0.324
D-13	0.277	-0.810	-0.019	-0.602	0.824	1.223	0.056	0.909
D-14	-0.285	-0.144	-0.141	-1.059	0.781	0.201	0.387	1.478
D-15	0.517	-0.140	0.197	-0.410	1.536	0.211	0.586	0.620
D-16	-0.296	-0.615	0.012	-1.027	0.879	0.929	0.035	1.551
D-17	-0.364	-0.874	-0.132	-0.577	1.081	1.320	0.391	0.872
D-18	0.002	-0.661	-0.132	-0.186	0.006	0.999	0.392	0.280
D-19	-0.386	-0.957	-0.135	-0.859	1.147	1.446	0.401	1.297
D-20	0.225	0.152	0.189	-0.010	0.667	0.229	0.562	0.015

PG: Puppengewicht  
 KG: Kokonschichtgewicht

chneten Werte  $g_1$  und  $g_2$ , die dabei am problematischsten sind, wurden je nach den Geschlechtern und je nach den Charakteren verglichen. Die experimentellen Werte  $g_1$  zeigen eine erhebliche Streuung, aber die Schiefe der Kurve kann durch statistisches Prüfverfahren nicht festgestellt werden. Die Werte  $g_2$  variieren auch ziemlich und zeigen meistens die negativen Größen. Das läßt sich von der relativ flachgipfligen Verteilung erwarten, aber es gibt keinen Unterschied im Vergleich von experimentellem und rechnerischem Ergebnis außer der einzigen Ausnahme. Die Normalität der Verteilung auch bei den begrenzten Daten sowie bei den ungeheueren, nicht mehr als etwa 50 (Box 1953). Also sind sie ihrer bestimmten Verteilungs-

TABELLE 1-1-7. Analyse des höheren Moments beim Kokongewicht und ihr  $t$ -Verfahren

(1965, Herbst, Rasse D Männchen,  $n=50$ )

	PG		KG		PG		KG	
	$g_1$	$g_2$	$g_1$	$g_2$	$t(g_1)$	$t(g_2)$	$t(g_1)$	$t(g_2)$
D- 1	0.297	2.432	0.396	3.644	0.882	3.660	1.177	5.506
D- 2	-0.081	-0.266	0.176	-0.593	0.242	0.402	0.524	0.896
D- 3	-0.371	-0.346	0.034	-0.737	1.102	0.523	0.100	1.113
D- 4	-0.028	-0.829	-0.132	0.045	0.082	1.252	0.391	0.069
D- 5	0.217	-0.699	-0.376	-0.733	0.645	1.056	1.117	1.108
D- 6	-0.386	0.046	-0.276	-0.648	1.145	0.070	0.818	0.979
D- 7	-0.532	-0.182	-0.804	0.416	1.580	0.276	2.388	0.629
D- 8	0.609	0.114	0.416	1.753	1.810	0.172	1.237	2.649
D- 9	-0.130	-0.157	-0.373	-0.134	0.385	0.237	1.108	0.202
D-10	-0.296	-0.237	-0.281	-0.581	0.878	0.352	0.834	0.879
D-11	0.004	-0.365	-0.341	-0.306	0.013	0.551	1.013	0.463
D-12	-0.202	-0.639	-0.055	-0.607	0.600	0.815	0.163	0.917
D-13	0.130	-0.526	-0.197	-0.527	0.385	0.795	0.586	0.796
D-14	-0.330	-0.237	-0.469	0.050	0.981	0.358	1.392	0.076
D-15	-0.042	-0.419	-0.159	-0.316	0.125	0.633	0.471	0.478
D-16	-0.236	-0.040	-0.079	-0.763	0.701	0.061	0.234	1.153
D-17	-0.250	-0.326	0.196	-0.131	0.743	0.473	0.581	0.197
D-18	-0.078	-0.715	0.409	-0.380	0.231	1.080	1.214	0.574
D-19	0.206	-0.351	-0.559	-0.292	0.612	0.530	1.781	0.441
D-20	-0.383	-0.033	0.274	-0.712	1.139	0.049	0.813	1.075

PG: Puppengewicht

KG: Kokonschichtgewicht

regel gefolgt und ihre Unabhängigkeit gegenseitiger Daten mag hinlänglich gehalten werden.

**2) Korrelation und Regression zwischen Charakteren**

Bisher wurde jede Variable  $x, y$  für sich für jede Standardabweichung und Varianz usw. getrennt berechnet. Aber es wird nun die Frage sein, wie man aus einem der beiden Charaktere auf den anderen schließen kann, nämlich das Gewicht von  $y$  soll aus dem  $x$  geschätzt werden. Die Wertepaare  $(x, y)$  jedes Individuums sind als Punkte in der Koordinate eingezeichnet. In diesem Beispiel sind größere Werte von  $y$  im allgemeinen mit größeren Werten von  $x$  aufgetreten, so kann man eine gerade Linie durch den Punktschwarm ziehen (SHAPIRO und WILK 1965). Wenn die Summe der Quadrate ihrer Abweichungen von den wirklichen Werten möglichst klein ist, ist eine theoretische Schätzgerade als Regressionsgerade von  $x$  auf  $y$   $Y=aX+b$  gesetzmäßig, wobei  $a$  die Steigung und  $b$  eine Konstante ist. Die Formel für die Berechnung von  $a$  und  $b$  ist wie folgt;  $Y=aX+b$ , wobei  $a = \frac{\sum xy}{\sum x^2}$  und  $b = \bar{y} - a\bar{x}$ . Das Steigungsmaß  $a$  heißt auch Regressionskoeffizient. Wichtig ist, daß die Regression von  $x$  auf  $y$  nicht identisch mit der von  $y$  auf  $x$  ist. Eine solche Anpassung im Sinn der kleinsten Quadrate ist auch mit anderen Kurven möglich (COCHRAN 1957). Einzelheiten dieses Problems werden hier ausgelassen. Eine Regression wird signifikant, wenn sie größer als ihr Wert von F-Verfahren ist und ihre Gleichung wird wie folgt tabellarisch angegeben.

Faktor	SAQ	FG	MQ	F
Regression	$(\sum xy)^2 / \sum x^2 (=A)$	1	A	A/C
Fehler	$\sum y^2 - A (=B)$	$n-2$	$B/(n-2)(=C)$	
Gesamt	$\sum y^2$	$n-1$		

SAQ: Summe der Abweichungsquadrate

FG: Freiheitsgrad

MQ: Mittleres Quadrat

Die Frage der Regression bezieht sich immer auf die Korrelation. Der Korrelationskoeffizient ist ein Maß für die Straffheit des wechselseitigen Zusammenhanges zwischen  $x$  und  $y$  und er wird manchmal lediglich mit  $r$  gezeigt, und  $r$  nimmt Werte zwischen  $+1$  und  $-1$  an. Wenn er Null ist, dann besteht Keine Beziehung zwischen beiden Variablen, andererseits ist  $r +1$  oder  $-1$ , eine streng lineare, nämlich ein Funktionsverhältnis und aus der Größe von  $y$  kann man auf die von  $x$  schließen (RAO 1958). Je größer  $x$  in meinen Beispielen ist, desto größer ist auch  $y$ . Die Straffheit

dieses Zusammenhanges wird durch die Größe der Korrelationskoeffizienten ausgedrückt, der in diesem Fall in etwa 0.80 ist. Bei der Berechnung dieses Koeffizienten ist die Gleichung wie folgt:  $r = \frac{\sum xy}{\sqrt{\sum x^2 \sum y^2}}$  Analog zum Konzept der Varianz, die man erhält, wenn man die Summe der Abweichungsquadrate durch  $(n-1)$  teilt, läßt sich die sog. Kovarianz errechnen. Diese Kovarianz ist ein Maß für den Zusammenhang der beiden Variablen. Ein Korrelationskoeffizient wird signifikant genannt, wenn er größer als der bei dem Stichprobenumfang in weniger als 1% oder 5% der Fälle zufällig erwartenden Grenzwert ist. Die Größe  $t = r\sqrt{n-2} / \sqrt{1-r^2}$  ist  $t$ -verteilt mit

TABELL 1-2-1. Daten von 20 Replikationen bei der Rasse D (1967, Frühling)

	Weibchen				Männchen			
	$n$	PG $\pm$ SF	KG $\pm$ SF	$r$	$n$	PG $\pm$ SF	KG $\pm$ SF	$r$
D- 1	50	89.5 $\pm$ 1.03	10.2 $\pm$ 0.17	0.52	50	62.1 $\pm$ 0.56	9.4 $\pm$ 0.17	0.60
D- 2	50	94.7 $\pm$ 0.97	11.7 $\pm$ 0.17	0.55	50	66.7 $\pm$ 0.58	10.9 $\pm$ 0.15	0.50
D- 3	50	95.5 $\pm$ 1.20	12.3 $\pm$ 0.22	0.73	50	65.0 $\pm$ 0.61	11.4 $\pm$ 0.20	0.69
D- 4	50	92.9 $\pm$ 0.95	12.5 $\pm$ 0.19	0.60	50	64.7 $\pm$ 0.72	11.5 $\pm$ 0.23	0.79
D- 5	50	89.7 $\pm$ 1.59	11.1 $\pm$ 0.25	0.78	50	61.5 $\pm$ 0.88	9.8 $\pm$ 0.21	0.78
D- 6	50	83.2 $\pm$ 1.00	9.9 $\pm$ 0.19	0.56	50	61.0 $\pm$ 0.81	9.3 $\pm$ 0.19	0.55
D- 7	50	95.1 $\pm$ 1.25	12.8 $\pm$ 0.22	0.74	50	64.5 $\pm$ 0.73	11.3 $\pm$ 0.16	0.50
D- 8	50	90.3 $\pm$ 1.06	12.1 $\pm$ 0.19	0.83	50	61.0 $\pm$ 0.78	10.3 $\pm$ 0.20	0.79
D- 9	50	87.9 $\pm$ 1.28	10.9 $\pm$ 0.21	0.87	50	64.2 $\pm$ 0.70	10.5 $\pm$ 0.19	0.80
D-10	50	97.9 $\pm$ 0.97	12.9 $\pm$ 0.18	0.54	50	66.5 $\pm$ 0.65	11.9 $\pm$ 0.16	0.69
D-11	50	95.3 $\pm$ 1.39	12.2 $\pm$ 0.25	0.73	50	66.2 $\pm$ 0.94	11.5 $\pm$ 0.20	0.86
D-12	50	83.8 $\pm$ 1.14	10.0 $\pm$ 0.19	0.51	50	58.9 $\pm$ 0.86	9.7 $\pm$ 0.19	0.87
D-13	50	94.8 $\pm$ 1.34	12.3 $\pm$ 0.27	0.67	50	65.8 $\pm$ 0.84	11.5 $\pm$ 0.21	0.70
D-14	50	88.6 $\pm$ 1.27	11.4 $\pm$ 0.22	0.83	50	62.5 $\pm$ 0.80	10.6 $\pm$ 0.21	0.86
D-15	50	96.4 $\pm$ 1.57	12.9 $\pm$ 0.32	0.75	36	68.5 $\pm$ 1.12	12.4 $\pm$ 0.27	0.80
D-16	36	98.2 $\pm$ 1.30	13.0 $\pm$ 0.23	0.82	50	65.2 $\pm$ 0.63	11.0 $\pm$ 0.21	0.78
D-17	50	90.7 $\pm$ 0.95	11.8 $\pm$ 0.18	0.41	50	65.8 $\pm$ 0.72	11.3 $\pm$ 0.18	0.65
D-18	50	90.9 $\pm$ 0.95	12.5 $\pm$ 0.13	0.48	50	63.1 $\pm$ 0.63	11.2 $\pm$ 0.15	0.74
D-19	50	92.9 $\pm$ 1.11	12.6 $\pm$ 0.20	0.59	50	63.8 $\pm$ 0.71	11.5 $\pm$ 0.14	0.60
D-20	50	91.5 $\pm$ 0.90	12.7 $\pm$ 0.20	0.63	50	64.9 $\pm$ 0.64	12.0 $\pm$ 0.20	0.81

$n$ : abgewogene Zahl  
 PG: Puppengewicht in cg  
 KG: Kokonschichtgewicht in cg  
 SF: Standardfehler  
 $r$ : Korrelationskoeffizient

$n-2$  Freiheitsgraden.

Die Schätzwerte der Korrelation sind in diesem Versuch alle signifikant, obgleich ihre wirklichen Werte ziemlich geschwankt sind, und das ist klar, daß beide Charaktere wechselseitig einen starken Zusammenhang haben. In bezug auf diese Frage gibt es einige Berichte (MATSUMURA 1921, KOBARI 1933, 1940, KOBARI und FUJIMOTO 1950, 1966, TAKIZAWA und NAKADA 1965, KURASAWA 1968), denn es ist leicht denkbar, daß eine Auswahl in einem Charakter den anderen beeinflußt und dieses bei der Kokonverbesserung gültig zu nützen. Die positive Korrelation bezieht sich auch auf die signifikante Regression. Im allgemeinen vergrößert sich das Kokonschichtgewicht allmählich mit der Vermehrung des Puppengewichts und ändert sich seit den bestimmten Größen nicht mehr, also ist eine Anpassung oft besser zur Kurve als zur Gerade. Die Koeffizienten wurden in der linearen und quadratischen Gleichung in der Tabelle verglichen. In der linearen

TABELLE 1-2-2. Zusammenhang zwischen Korrelationskoeffizient und F-Wert von Regressionsanalyse

	Weibchen		Männchen	
	$r$	F-Wert	$r$	F-Wert
D- 1	0.52	17.916	0.60	27.108
D- 2	0.55	20.622	0.50	15.746
D- 3	0.73	55.252	0.69	43.355
D- 4	0.60	27.275	0.79	80.981
D- 5	0.78	76.921	0.78	74.963
D- 6	0.56	21.945	0.55	20.982
D- 7	0.74	57.703	0.50	16.258
D- 8	0.83	110.130	0.79	80.162
D- 9	0.87	147.780	0.80	83.834
D-10	0.54	19.799	0.69	43.287
D-11	0.73	54.197	0.86	137.052
D-12	0.51	16.953	0.87	153.031
D-13	0.67	38.866	0.70	46.386
D-14	0.83	105.209	0.86	139.414
D-17	0.41	9.493	0.65	35.405
D-18	0.48	14.715	0.74	56.511
D-19	0.59	25.856	0.60	26.416
D-20	0.63	31.273	0.81	90.139

Ergebnisse bei D-15 und D-16 werden wegen ihrem Mangel an Daten ausgelassen.

sind die männlichen Werte des Koeffizienten größer als die weiblichen, und das zeigt, daß ein erheblicher Unterschied zwischen Geschlechtern bezüglich der Gültigkeit der Seidenproduktivität besteht und das Männchen wohl allgemein vorteilhafter ist. Ihre Werte variieren stark durch die Auswahl für die Verbesserung des entsprechenden Charakters und werden im Laufe der Auswahl kleiner. Also drücken sie zugleich den Stand und eine Möglichkeit der Verbesserung bei einer Auswahl anstatt des bisher gebräuchlichen Kokonschichtverhältnisses aus. Koeffizienten, die als Steigungsmaß durch die quadratischen Gleichungen erhalten werden, zeigen meistens die negativen Größen und sind natürlich die bessere Anpassung für den Ausdruck der Kollektive als Gerade bezüglich den Kurvenverhältnissen beider Variablen. Aus dem Vergleich mit den Abweichungsquadraten zwischen linearer und quadratischer Gleichung wurde der Grad ihrer Anpassung darum verglichen,

TABELLE 1-2-3. Koeffizienten aus den linearen und quadratischen Gleichungen

(1967, Frühling, Rasse D, Weichen,  $n=50$ )

	$Y=AX+B$		$Y=AX^2+BX+C$		
	A	B	C	B	A
D- 1	0.088	2.356	-0.0001	0.1009	1.7789
D- 2	0.099	2.360	-0.0001	0.1163	1.5236
D- 3	0.132	-0.317	0.0005	0.0546	3.8550
D- 4	0.118	1.551	-0.0015	0.4091	-12.0749
D- 5	0.122	0.101	0.0006	0.0071	5.3191
D- 6	0.105	1.168	0.0004	0.0420	3.7814
D- 7	0.128	0.618	-0.0011	0.3370	- 9.2774
D- 8	0.154	-1.825	-0.0017	0.4590	-15.5684
D- 9	0.142	-1.526	-0.0015	0.4133	-13.4429
D-10	0.099	3.213	0.0023	-0.3500	25.0246
D-11	0.133	-0.461	0.0020	-0.2605	18.3281
D-12	0.084	2.957	0.0039	-0.6092	22.4570
D-13	0.133	-0.286	-0.0003	0.1086	- 2.4866
D-14	0.146	-1.509	0.0007	0.0225	3.9033
D-17	0.075	4.967	-0.0046	0.9058	-32.0247
D-18	0.064	6.751	-0.0019	0.4085	- 8.8288
D-19	0.104	2.905	0.0017	-0.2112	17.5741
D-20	0.136	0.228	0.0044	-0.6685	37.1362

Ergebnisse bei D-15 und D-16 werden wegen ihrem Mangel an Daten ausgelassen.

TABELLE 1-2-4. Koeffizienten aus den linearen und quadratischen Gleichungen

(1967, Frühling, Rasse D, Männchen,  $n=50$ )

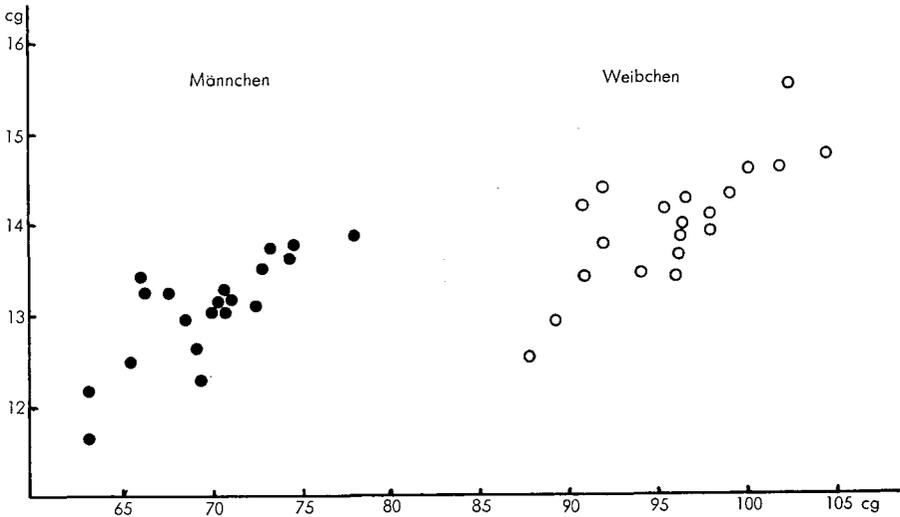
	$Y = AX + B$		$Y = AX^2 + BX + C$		
	A	B	A	B	C
D- 1	0.180	-1.772	0.0121	-1.3347	45.4816
D- 2	0.132	2.065	-0.0052	0.8271	-20.9339
D- 3	0.219	-2.911	-0.0089	1.3853	-40.8402
D- 4	0.249	-4.637	-0.0007	0.3387	- 7.5258
D- 5	0.184	-1.523	-0.0054	0.8652	-22.7859
D- 6	0.132	1.282	-0.0090	1.2129	-30.9469
D- 7	0.114	3.944	-0.0074	1.0684	-26.6075
D- 8	0.199	-1.775	-0.0043	0.7037	-16.5452
D- 9	0.219	-3.554	0.0010	0.0937	0.5395
D-10	0.173	0.425	0.0073	-0.8042	33.0968
D-11	0.185	-0.787	0.0014	0.0018	5.0852
D-12	0.190	-1.485	-0.0032	0.5830	-13.3264
D-13	0.173	0.117	-0.0062	1.0068	-27.5492
D-14	0.225	-3.457	-0.0023	0.5049	-12.0587
D-17	0.162	0.597	-0.0002	0.1864	- 0.1930
D-18	0.174	0.200	-0.0050	0.8106	-19.9568
D-19	0.118	3.988	0.0061	-0.6639	28.5918
D-20	0.246	-3.997	0.0037	-0.2454	12.0774

Ergebnisse bei D-15 und D-16 werden wegen ihrem Mangel an Daten ausgelassen.

aber ihre Werte sind miteinander an Größe nicht verschieden, obgleich der Wert von der linearen Gleichung immer mehr oder minder größer als der von der quadratischen ist.

**3) Korrelation zwischen Versuchen**

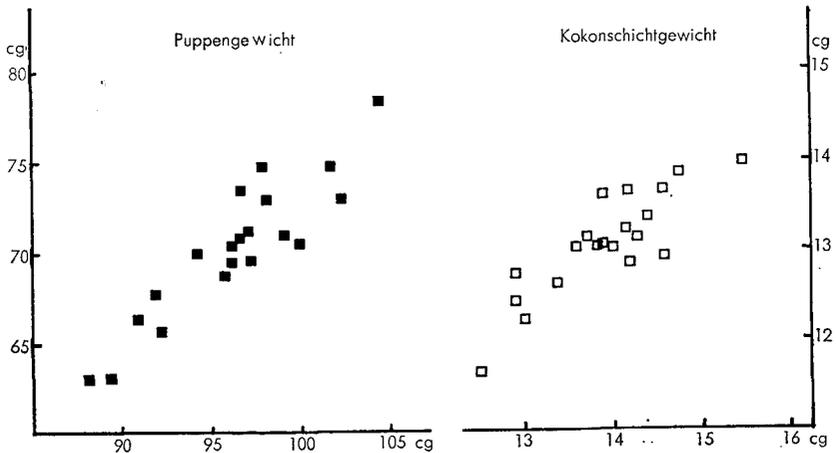
Im allgemeinen zeigen die abgewogenen Durchschnittswerte des Kokongewichts eine Mannigfaltigkeit je nach dem wiederholenden Versuch der leiblichen Geschwistern. Aus der Ursache könnte man wohl vermuten, daß die Faktoren von Milieu außer den von Erbllichkeit einen entscheidenden Einfluß ausüben. Wie geht dabei die Korrelation zwischen den ausgedrückten Werten von Geschlechtern oder zwischen den von Charakteren in den wiederholenden Versuchen über? Dieses Problem beruht auf der Unabhängigkeit der Versuche. Wenn ein männlicher Wert in einer Subpopulation relativ größer wäre und andererseits ein entsprechender weiblicher



**Figur 1-3-1.** Puppen- und Kokonschichtgewicht Korrelation  
(1965, Herbst, Rasse D 20 Versuche)

Abszisse; Puppengewicht in cg

Ordinate; Kokonschichtgewicht in cg



**Figur 1-3-2.** Weibchen- und Männchen Korrelation  
(1965, Herbst, Rasse D 20 Versuche)

Abszisse; Weibchensatz in cg

Ordinate; Männchensatz in cg

relativ kleiner wäre, würde der Korrelationsatz zwischen den Geschlechtern kleiner sein und die Unabhängigkeit der Versuche nicht klar sein.

Dieses Korrelationsverhältnis kann auch durch den Satz von Rangordnungskorrelation ( $r'$ ) mit dem nichtparametrischen Mittel außer der ordentlichen Methode ( $r$ ) erhalten werden, so wurden beide Methoden verglichen (WHITE 1952). Die Gleichung des Koeffizienten der Rangordnungskorrelation von Spearman lautet folgendermaßen,

$$r' = 1 - 6 \sum D^2 / N(N^2 - 1)$$

wobei  $D$  Unterschied der Rangordnung und  $N$  Zahl der Wertepaare ist (OLDS 1949). Eine Berechnung nach dieser Methode ist im allgemeinen leichter als die ordentliche. Wie aus der Tabelle ersichtlich ist, ist die Korrelation zwischen Geschlechtern je nach dem Charakter ( $X, Y$ ) hochgradig signifikant. Als Beispiel sind die auf die oben beschriebene Weise erhaltenen experimentellen Resultate von den 20 Versuchen in Figur dargestellt. Die in der Figur angegebenen Prüfungsergebnisse sind die Durchschnittswerte von je 50 Einzelabwägungen. Je größer der weibliche Wert wird, desto größer wird der entsprechende männliche, obgleich die Streuung dieser Zahlenwerte erheblich ist. Beide Ergebnisse ( $r, r'$ ) stimmen innerhalb der Maßtoleranzen miteinander überein und können als eine gute Näherung betrachtet werden, um es genau zu sagen, die Werte von dieser verhältnismäßig einfach erhaltenen Methode sind meistens ein wenig kleiner (TAKIZAWA und NAKADA 1967). Es zeigt sich hier, daß diese Koeffizienten für

TABELLE 1-3-1. Eine Berechnung des Koeffizienten der Anordnungskorrelation von Spearman

Kategorie	1	2	3	...	$i$	...	$n$	Gesamt
♀ Anordnung	$a_1$	$a_2$	$a_3$	...	$a_i$	...	$a_n$	
♂ Anordnung	$b_1$	$b_2$	$b_3$	...	$b_i$	...	$b_n$	
$d_i = a_i - b_i$	$d_1$	$d_2$	$d_3$	...	$d_i$	...	$d_n$	0
$d_i^2$	$d_1^2$	$d_2^2$	$d_3^2$	...	$d_i^2$	...	$d_n^2$	$\sum d_i^2$

$$r' = 1 - \frac{6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

$$E(\sum d_i^2) = \frac{1}{6} (n^3 - n)$$

$$V^2(\sum d_i^2) = \left( \frac{n^3 - n}{6} \right)^2 \frac{1}{n - 1}$$

- $r'$ : Koeffizient der Anordnungskorrelation
- E: erwarteter Wert der Quadrate
- $V^2$ : erwartete Varianz

die ordentlichen substituiert werden können. Korrelationsverhältnisse zwischen Geschlechtern sind auch in den anderen Charakteren z. B. in dem gesamten Kokongewicht ( $X+Y$ ) und in dem Kokonschichtverhältnis ( $Y/(X+Y)$ ) klargestellt.

TABELLE 1-3-2. Korrelationswerte von verschiedenen Methoden und ihr  $t$ -Verfahren ( $r'$ )

(1965, Herbst Rasse D  $n=20$ )

Charakter	Korrelation	$r$	$r'$	$t$ -Wert	P
X	$\varphi - \delta$	0.917	0.911	9.389	$P < 0.01$
Y	"	0.877	0.777	5.232	$P < 0.01$
X+Y	"	—	0.916	9.637	$P < 0.01$
$Y/(X+Y)$	"	—	0.858	7.072	$P < 0.01$
$\varphi$	$X-Y$	0.783	0.756	4.906	$P < 0.01$
$\delta$	"	0.762	0.708	4.248	$P < 0.01$
$\varphi$	$(X+Y) - Y/(X+Y)$	—	-0.230	1.005	$0.4 > P > 0.3$
$\delta$	"	—	-0.489	2.377	$0.05 > P > 0.02$

X: Puppengewicht

Y: Kokonschichtgewicht

$r$ : Korrelationskoeffizient von der ordentlichen Methode

$r'$ : Koeffizient der Anordnungskorrelation

$t$ :  $r\sqrt{n-2}/\sqrt{1-r^2}$

TABELLE 1-3-3. Korrelationswerte von verschiedenen Methoden und ihr  $t$ -Verfahren ( $r'$ )

(1966, Sommer Rasse D  $n=15$ )

Charakter	Korrelation	$r$	$r'$	$t$ -Wert	P
X	$\varphi - \delta$	0.933	0.931	9.215	$P < 0.01$
Y	"	0.958	0.972	15.004	$P < 0.01$
X+Y	"	—	0.950	10.970	$P < 0.01$
$Y/(X+Y)$	"	—	0.926	8.836	$P < 0.01$
$\varphi$	$X-Y$	0.926	0.865	6.221	$P < 0.01$
$\delta$	"	0.853	0.806	4.914	$P < 0.01$
$\varphi$	$(X+Y) - Y/(X+Y)$	—	0.460	1.867	$0.1 > P > 0.05$
$\delta$	"	—	0.364	1.410	$0.2 > P > 0.1$

X: Puppengewicht

Y: Kokonschichtgewicht

$r$ : Korrelationskoeffizient von der ordentlichen Methode

$r'$ : Koeffizient der Anordnungskorrelation

$t$ :  $r\sqrt{n-2}/\sqrt{1-r^2}$

TABELLE 1-3-4. Korrelationswerte von verschiedenen Methoden und ihr *t*-Verfahren (*r'*)

(1966, Herbst Rasse D *n*=17)

Charakter	Korrelation	<i>r</i>	<i>r'</i>	<i>t</i> -Wert	P
X	♀ - ♀	0.930	0.880	7.172	P<0.01
Y	"	0.915	0.897	7.862	P<0.01
X+Y	"	—	0.836	5.896	P<0.01
Y/(X+Y)	"	—	0.846	6.150	P<0.01
♀	X-Y	0.824	0.782	4.857	P<0.01
♂	"	0.724	0.635	3.182	P<0.01
♀	(X+Y)-Y/(X+Y)	—	-0.100	0.389	0.8>P>0.7
♂	"	—	-0.119	0.464	0.7>P>0.6

X: Puppengewicht

Y: Kokonschichtgewicht

*r*: Korrelationskoeffizient von der ordentlichen Methode

*r'*: Koeffizient der Anordnungskorrelation

*t*:  $r\sqrt{n-2}/\sqrt{1-r^2}$

Andererseits sind auch Korrelationen zwischen Puppen- und Kokonschichtgewicht innerhalb desselben Geschlechts verhältnismäßig hochgradig signifikant, aber ihre Werte sind mehr oder minder kleiner geworden und der Unterschied der Rangordnung wird größer als zwischen den Geschlechtern. Im Gegensatz zu diesem Ergebnis sind die Korrelationen zwischen dem gesamten Kokongewicht und dem Kokonschichtverhältnis nicht positiv, sondern vielmehr negativ und ihr Satz beträgt nun 0.460 bis -0.489, wenn auch zwischen den einzelnen Versuchen noch erhebliche Differenzen bestehen. Diese Tatsache deutet darauf, daß eine Auswahl des Puppengewichts zu einer Richtung zugleich eine quantitative Veränderung des Kokonschichtgewichts herbeibringt. Aber dasselbe Vorgehen bei dem gesamten Kokongewicht steht nicht immer mit der Verbesserung des Kokonschichtverhältnisses in Verbindung. Da dieses Problem sich auch auf den Erblichkeitsanteil des quantitativen Charakters bezieht, werden Einzelheiten an anderem Ort behandelt.

Aus den obigen Ergebnissen zeigt sich, daß eine Veränderung des quantitativen Charakters durch die künstliche Auswahl an den Geschlechtern dichter als an den Charakteren ausgedrückt werden kann. Ein Vergleich jedes wirklichen Durchschnittswerts zwischen Geschlechtern bzw. zwischen Charakteren zeigt eine gegenseitige Abhängigkeit, so daß sich der Koeffizient der Korrelation 1 nähert, und das dürfte auch durch den Vergleich des Rangordnungskoeffizienten möglich sein. Bei der zukünftigen Varianzanalyse

TABELLE 1-3-5. Daten von 20 Replikationen bei der Rasse D  
(1965, Herbst)

	Weibchen				Männchen			
	<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>	<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>
D- 1	50	92.1 ± 1.12	14.4 ± 0.19	0.87	50	65.9 ± 0.65	13.4 ± 0.17	0.88
D- 2	50	91.0 ± 1.38	14.2 ± 0.24	0.91	50	66.3 ± 0.85	13.3 ± 0.21	0.87
D- 3	50	100.4 ± 1.08	14.6 ± 0.20	0.78	50	70.2 ± 0.86	13.6 ± 0.20	0.85
D- 4	50	99.3 ± 0.97	14.3 ± 0.18	0.66	50	70.7 ± 0.63	13.2 ± 0.17	0.67
D- 5	50	96.7 ± 1.00	14.0 ± 0.21	0.84	50	70.7 ± 0.55	13.1 ± 0.15	0.84
D- 6	50	89.1 ± 0.99	12.9 ± 0.22	0.85	50	63.2 ± 0.65	12.2 ± 0.17	0.78
D- 7	50	104.8 ± 1.30	14.8 ± 0.19	0.86	50	78.3 ± 0.89	13.9 ± 0.18	0.71
D- 8	50	96.8 ± 1.24	14.2 ± 0.19	0.74	50	73.5 ± 0.68	13.7 ± 0.14	0.71
D- 9	50	98.1 ± 1.25	13.9 ± 0.19	0.70	50	74.6 ± 0.71	13.6 ± 0.17	0.69
D-10	50	102.6 ± 1.22	15.5 ± 0.19	0.85	50	72.8 ± 0.79	14.0 ± 0.21	0.81
D-11	50	96.4 ± 1.30	13.6 ± 0.21	0.74	50	70.4 ± 0.87	13.1 ± 0.18	0.81
D-12	50	96.4 ± 1.09	13.9 ± 0.17	0.74	50	70.4 ± 0.82	13.1 ± 0.20	0.82
D-13	50	92.0 ± 1.13	13.8 ± 0.21	0.81	50	67.6 ± 0.85	13.2 ± 0.22	0.82
D-14	50	102.1 ± 1.47	14.6 ± 0.24	0.79	50	74.8 ± 0.90	13.7 ± 0.19	0.73
D-15	50	96.2 ± 1.04	13.4 ± 0.18	0.79	50	69.4 ± 0.81	12.7 ± 0.15	0.83
D-16	50	94.3 ± 0.92	13.5 ± 0.17	0.84	50	69.7 ± 0.80	12.3 ± 0.19	0.84
D-17	50	91.0 ± 0.80	13.4 ± 0.16	0.75	50	65.5 ± 0.61	12.5 ± 0.15	0.85
D-18	50	95.7 ± 1.16	14.2 ± 0.22	0.84	50	68.5 ± 0.74	12.9 ± 0.17	0.84
D-19	50	98.3 ± 1.18	14.1 ± 0.22	0.77	50	72.7 ± 0.91	13.2 ± 0.20	0.79
D-20	50	87.9 ± 1.03	12.5 ± 0.18	0.86	50	63.3 ± 0.65	11.7 ± 0.16	0.79
	1000	96.0 ± 0.29	14.0 ± 0.05	0.79	1000	69.9 ± 0.21	13.1 ± 0.04	0.77

zu diesem Charakter ist es wichtig, Varianzkomponent zwischen Versuchen und innerhalb des Versuchs abzuteilen, weil einzelne Versuche ziemlich variieren und zwar ihre Werte eine Unabhängigkeit haben.

#### 4) Unterschied zwischen Geschlechtern

Ein eingeschriebener Wert des Kokongewichts erscheint meistens als Mittelwert zwischen Geschlechtern, so gibt es kaum Berichte, worin der Unterschied zwischen Weibchen und Männchen erwähnt wird. Im allgemeinen ist das Kokongewicht beim Weibchen schwerer als beim Männchen. Auf diesen Zusammenhang je nach dem Charakter hinzuweisen, ist das Ziel der vorliegenden Arbeit. Dieselben statistischen Zahlenwerte, von denen die Beobachtungen über einen längeren Zeitraum sowie mehrmals

wiederholende Versuche erforderlich sind, wurden in einigen Rassen ausgeführt und sind in Tabelle zusammengestellt. Die Larvenzucht wurde dreimal im Jahre je nach den leiblichen Geschwistern getrennt ausgeführt und ihre Ergebnisse von der dritten Jahreszeit Herbst wurden außer der Rasse D ausgelassen, da die Zahlen der wiederholenden Versuche noch nicht genügend waren. Dabei wurden die Versuche, bei denen weniger als 10 Individuen abgewogen wurden, in den angenommenen Rassen ausgelassen. Obgleich jeder wirkliche Wert sich ziemlich je nach Jahreszeit sowie je nach Versuch innerhalb der Replikation der gleichen Jahreszeit verändert, zeigt der  $\delta/\varphi$  Wert eine verhältnismäßige Stabilität, und sein Prozentsatz erreicht etwa 75% beim Puppengewicht und über 90% beim Kokonschichtgewicht.

TABELLE 1-4-1. Das  $\delta/\varphi$  Prozent des Kokongewichts bei einigen Rassen

(1965-1973)

Puppengewicht

Rasse	Frühling		Sommer		t-Test	
	n	M ± SF	n	M ± SF	FG	t-Wert
C	12	78.6 ± 0.77	13	81.8 ± 1.17	23	2.250*
S	23	73.4 ± 0.67	13	75.8 ± 0.07	34	2.329*
K	16	74.5 ± 0.63	9	75.6 ± 0.93	23	1.010
T	28	74.3 ± 0.45	21	74.8 ± 0.53	47	0.723
D	25	70.0 ± 0.37	30	72.9 ± 0.37	53	5.487**

n: Replikationszahl des Zuchtversuchs

M: Mittelwert

SF: Standardfehler

FG: Freiheitsgrad

\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P < 0.05)

\*\* " " (P < 0.01)

Kokonschichtgewicht

Rasse	Frühling		Sommer		t-Test	
	n	M ± SF	n	M ± SF	FG	t-Wert
C	12	99.0 ± 1.00	13	101.0 ± 1.25	23	1.297
S	23	88.8 ± 0.91	13	90.5 ± 1.24	34	1.113
K	16	92.0 ± 1.24	9	94.2 ± 1.90	23	1.009
T	28	91.0 ± 0.61	21	91.0 ± 0.74	47	0.041
D	25	92.6 ± 0.71	30	95.9 ± 0.52	53	3.839**

Ein relativer Unterschied zwischen Weibchen und Männchen ist beim Puppengewicht größer als beim Kokonschichtgewicht, und Kokonschichtverhältnisse zum sämtlichen Kokongewicht zeigen einen höheren Prozentsatz bei den Männchen. Das ist bei den Seidenraupen allgemein.

Ein Vergleich von Frühling- und Sommergeneration wurde durch die Auswertung mit dem *t*-Verfahren ausgeführt, weil diese Werte bei den fünf Rassen miteinander etwas verschieden sind. In der Rasse D wurde der Wert von Herbstgeneration ebenso verglichen. Wie aus Tabelle ersichtlich ist, sind diese Werte im Sommer größer, besonders sind sie bei dem Puppengewicht der Rasse C markant. Andererseits gibt es einen Unterschied in der Rasse D, bei der relativ oft wiederholende Versuche stattfanden, und das ist klar durch den *t*-Wert. Ein charakteristischer Wert erscheint in der Rasse C, wenn auch der ♂/♀ Wert sich jedenfalls in der Sommergeneration vermehrt. In dem Puppengewicht betragen ihre Werte ungefähr 80%, und weiter haben sie in dem Kokonschichtgewicht beinahe 100% erreicht. Diese Rasse hat ein spezielles Y-Chromosom, dem ein Bruchstück aus dem 2. Chromosom transloziert wurde, wie bereits erwähnt, so scheint es, daß der Einfluß dieses Chromosoms auf das Kokongewicht beim Weib-

TABELLE 1-4-2. Ein Vergleich des ♂/♀ Prozents zwischen Jahreszeiten

(1965-1967, Rasse D)

Mittelwert und Standardfehler

Jahreszeit	<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>
Frühling	25	70.0 ± 0.37	92.6 ± 0.71	0.81
Sommer	30	72.9 ± 0.37	95.9 ± 0.52	0.75
Herbst	37	72.1 ± 0.26	92.8 ± 0.37	0.69

*t*-Test

Vergleich	<i>t</i> -Wert (PG)	<i>t</i> -Wert (KG)	FG
F-S	5.487**	3.839**	53
S-H	1.795	4.995**	65
H-F	4.833**	0.272	60

*n*: Replikationszahl des Zuchtversuchs

PG: Puppengewicht

KG: Kokonschichtgewicht

*r*: Korrelationskoeffizient der beiden Variablen

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

chen hervortreten ist, nämlich dieser quantitative Charakter hat sich dadurch beim Weibchen vermindert.

Auch wenn man nicht sagen kann, daß die Reduktion des quantitativen Charakters in der Sommergeneration sehr schnell von sich geht, so ist sie

TABELLE 1-4-3. Das ♂/♀ Prozent in der Rasse P, E und O

Jahreszeit		n	PG ± SF	KG ± SF	♂/♀ Wert		
					PG	KG	
Rasse P	1971	F-1	♀ 12	115.1 ± 2.30	16.3 ± 0.58	73.8	87.7
			♂ 18	84.9 ± 1.61	14.3 ± 0.36		
		F-2	♀ 14	105.1 ± 3.44	14.6 ± 0.89	81.4	99.3
			♂ 18	85.6 ± 1.87	14.5 ± 0.46		
	1972	F-1	♀ 30	103.4 ± 1.46	16.4 ± 0.52	72.4	87.8
			♂ 30	74.9 ± 0.94	14.4 ± 0.28		
		S-1	♀ 36	89.7 ± 1.90	10.7 ± 0.42	73.4	78.5
			♂ 12	65.8 ± 2.07	8.4 ± 0.48		
		S-2	♀ 37	84.2 ± 1.06	9.7 ± 0.23	77.4	93.8
			♂ 20	65.2 ± 0.74	9.1 ± 0.28		
1973	F-1	♀ 30	95.9 ± 2.42	12.3 ± 0.43	81.8	100.8	
		♂ 30	78.4 ± 1.47	12.4 ± 0.28			
Rasse E	1972	F-1	♀ 30	99.0 ± 1.67	13.1 ± 0.25	73.5	96.2
			♂ 30	72.8 ± 0.94	12.6 ± 0.32		
		S-1	♀ 50	80.7 ± 1.04	7.3 ± 0.16	80.2	105.5
			♂ 50	64.7 ± 0.65	7.7 ± 0.18		
	1973	F-1	♀ 30	73.3 ± 1.56	7.7 ± 0.24	80.9	107.8
			♂ 30	59.3 ± 0.96	8.3 ± 0.23		
		F-2	♀ 30	75.0 ± 1.88	7.9 ± 0.32	79.5	105.1
			♂ 30	59.6 ± 0.84	8.3 ± 0.23		
	S-1	♀ 26	77.4 ± 1.81	7.9 ± 0.25	75.7	93.7	
		♂ 40	58.6 ± 1.01	7.4 ± 0.23			
Rasse O	1971	S-1	♀ 50	102.9 ± 1.14	12.6 ± 0.21	75.5	90.5
			♂ 50	77.7 ± 0.71	11.4 ± 0.20		
	1972	F-1	♀ 30	128.2 ± 1.63	18.1 ± 0.27	73.2	95.6
			♂ 30	93.9 ± 1.23	17.3 ± 0.33		
		S-1	♀ 47	94.1 ± 1.53	10.9 ± 0.27	77.4	93.6
			♂ 50	72.8 ± 0.95	10.2 ± 0.20		
	1973	F-1	♀ 30	122.1 ± 2.57	14.9 ± 0.39	74.9	94.0
			♂ 30	91.4 ± 1.96	14.0 ± 0.37		

doch erheblich, und schlechte Zuchtbedingungen von einer relativ höhern Temperatur sowie von unterernährten Maulbeerblättern im Sommer sind eine direkte Ursache für die Reduktion. Das Reduktionsverhältnis ist dabei je nach den Geschlechtern veränderlich. In den Seidenraupen ist die Gesundheit zwischen Geschlechtern öfter unterscheidbar und die Weibchen zeigen manchmal eine höhere Sterblichkeitsziffer als die Männchen, besonders in dem relativ schlechten Milieu der Sommergeneration. Diese Erscheinung würde sich auf den Ausdruck des Kokongewichts beziehen. Anderseits bezieht sich das Kokongewicht auch auf die Länge der Larvalperiode mit dem Zusammenhang des Wachstums der Seidendrüse, aber es war schwierig, eine bestimmte Beziehung zu finden (NAKADA 1970 a). Er verglich eine Korrelation, um das Verhältnis zwischen der Larvalperiode und ihr Kokongewicht in einigen Rassen klarzustellen, aber es gab keinen ersichtlichen Begriff zu diesem Problem. Zum Beispiel zeigt die Rasse S das leichteste Kokongewicht trotz ihrer längeren Larvalperiode. Über einen Vergleich mit der Herbstgeneration soll hier nicht auf Einzelheiten eingegangen werden, da kein genügendes Material außer bei der Rasse D zur Verfügung steht, obgleich sich ein charakteristischer Wert in der Rasse D zeigt.

Es ist bereits veröffentlicht, daß die in dieser Prüfung verwendete Rasse T eine geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts zeigt (TAKIZAWA und NAKADA 1966, 1968 a, 1968 b, NAKADA 1970 a), aber kein charakteristischer Wert läßt sich in dieser Rasse gewinnen.

##### 5) Einfluß vom 2. Chromosom auf das Kokongewicht

Aus den Ergebnissen einer Kreuzungsuntersuchung über den Einfluß von Heterosis auf das Kokongewicht wurde eine starke Korrelation zwischen morphologischem Merkmal und Kokongewicht beobachtet. Es fand ein folgender Kreuzungsversuch statt, um die Wirkung des 2. Chromosoms zu bestätigen. Wie vorher veröffentlicht wurde, gibt es einige Berichte zu diesem Problem (MUROGA 1950, HIROBE und Pal SINGH 1961, TAKIZAWA und NAKADA 1964), aber Einzelheiten müssen künftigen Untersuchungen überlassen bleiben.

Rasse S hat eine schwarzgestreifte Haut der Larve und eine gelbe Kokonfarbe, und diese Beiden sind einzeln dominant über ihre Allele weiße Haut und weiße Kokonfarbe in der Rasse C, und sie liegen auf dem 2. Chromosom. Ihre nachkommende Rückkreuzungsgeneration wurde je nach den Phänotypen abgewogen und ein Beispiel von Ergebnissen ist in Tabelle 1-5-1 dargestellt. Das tabellarische Beispiel schließt einige Rekombinationstypen ein. Die Seidenraupen zeigen eine vollständige Kopplung von Weib-

TABELLE 1-5-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung  $C \times (C \times S)$

Phänotypen und Geschlechter		PG		KG		<i>r</i>
		M ± SF cg	VK %	M ± SF cg	VK %	
<i>p<sup>s</sup>Y</i> (dunkel)	♀	91.7 ± 2.84	11.57	14.5 ± 0.53	13.79	0.67
	♂	75.4 ± 1.80	10.39	15.6 ± 0.47	13.05	0.80
<i>p<sup>s</sup>Y</i> (hell)	♀	96.4 ± 5.34	14.65	16.5 ± 0.78	12.55	0.86
	♂	81.5 ± 2.44	8.97	16.5 ± 0.42	7.69	0.70
<i>p<sup>s</sup>+</i>	♀	93.9 ± 2.53	12.32	14.7 ± 0.43	13.28	0.72
	♂	77.7 ± 1.27	7.99	16.4 ± 0.30	8.98	0.42
<i>pY</i> (dunkel)	♀	101.6 ± 2.64	8.62	15.5 ± 0.60	12.76	0.28
	♂	81.1 ± 1.82	9.00	15.5 ± 0.57	14.78	0.80
<i>pY</i> (hell)	♀	102.5 ± 4.12	6.97	15.5 ± 1.00	11.16	0.49
	♂	74.8 ± 3.03	7.02	15.5 ± 1.37	15.35	0.80
<i>p+</i>	♀	104.6 ± 1.59	6.81	16.8 ± 0.36	9.60	0.42
	♂	82.1 ± 1.01	6.61	16.2 ± 0.25	8.45	0.60

PG: Puppengewicht  
 KG: Kokonschichtgewicht  
 M ± SF: Mittelwert ± Standardfehler  
 VK: Variabilitätskoeffizient  
 gezüchtete Jahreszeit: 1964 Sommer  
 Abwägungszahl: 15-30

chen, so erscheint der Rekombinationstypus nur in der Rückkreuzung von der mütterlichen Reinerasse. Ein fleischfarbener Kokon, der in der Tabelle „hellgelb“ gezeigt wird, erschien in dieser Kreuzung. Dieser Charakter scheint in der Rasse C verborgen zu sein, aber Einzelheiten dieses Ursprungs sind noch nicht klar.

Ogleich die Zahl der Abwägung nicht genügend ist und ihre Variabilität innerhalb des Phänotypus ziemlich größer wird, ist der Unterschied zwischen Phänotypen bemerkenswert, und das zeigt sich in der Richtung weiß (*p*) > schwarzgestreift (*p<sup>s</sup>*) bzw. weiß (+<sup>Y</sup>) > gelb (*Y*) öfter signifikant. Dieser Zusammenhang wurde in der Tabelle 1-5-2 und 1-5-3 durch *t*-Verfahren ersichtlich gezeigt, und dieser Unterschied ist in dem Puppengewicht übermäßig größer als in dem Kokonschichtgewicht sowie bei den Weibchen relativ größer als bei den Männchen.

Das Kokongewicht vom Rekombinationsphänotypus steht in der Mitte der beiden ordentlichen Phänotypen und es zeigt sich eine spezielle Beziehung  $pY > p^s + Y$ . Dieselbe Beziehung wurde auch in der  $F_2$ -Generation beobachtet, aber ihre Ergebnisse sind wegen ungenügender Individuen der Abwägung

TABELLE 1-5-2. *t*-Verfahren zwischen  
Phänotypenwerten (Weibchen)

		→ PG					
		1	2	3	4	5	6
↓ KG	1 $p^S Y$ (dunkel)	—	0.778	0.589	2.554*	2.166*	3.984**
	2 $p^S Y$ (hell)	2.159*	—	0.417	0.872	0.908	1.479
	3 $p+$	0.382	1.998	—	2.095*	1.778	3.581**
	4 $pY$ (dunkel)	1.287	1.020	1.000	—	0.157	0.987
	5 $pY$ (hell)	0.911	0.787	0.706	0.000	—	0.479
	6 $p+$	3.578**	0.302	3.625**	1.800	1.188	—

\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.05$ )\*\* „ „ ( $P < 0.01$ )TABELLE 1-3-5. *t*-Verfahren zwischen  
Phänotypenwerten (Männchen)

		→ PG					
		1	2	3	4	5	6
↓ KG	1 $p^S Y$ (dunkel)	—	2.029	1.059	2.230*	0.170	3.291**
	2 $p^S Y$ (hell)	1.428	—	1.389	0.144	1.735	0.238
	3 $p+$	1.428	0.192	—	1.522	0.890	2.746**
	4 $pY$ (dunkel)	0.094	1.366	1.359	—	1.787	0.514
	5 $pY$ (hell)	0.068	0.699	0.642	0.020	—	2.313
	6 $p+$	1.075	0.637	0.589	1.032	0.482	—

ausgelassen. Auch in Fällen, in denen Rasse K anstatt Rasse C verwendet wurde, wurden dieselben Ergebnisse ebenso erhalten.

Auf Grund einer gründlichen Untersuchung von der Kontrolle des 2. Chromosoms auf das Kokongewicht wurde klar, daß dieses Chromosom den Ausdruck des Kokongewichts beeinflussen kann und seine Wirkung in der Nähe von Locus bezüglich einer Larvenfarbe relativ stark ist. Dieses Problem ist wichtig in bezug auf die Verteilung des quantitativen Gens auf einigen Chromosomen und der Zusammenhang zwischen einem allgemeinen qualitativen Charakter und dem Kokongewicht wird durch eine Methode von Streuungserlegung im nachkommenden Kapitel erforscht.

#### 6) Erbliehkeitsanteil

Der Erbliehkeitsanteil ist ein Verhältnis von erblicher zu sämtlicher Varianz und nützlich als eine mathematische Kennziffer bei der Auswahl

des quantitativen Charakters, so gibt es einige Methoden zu seiner Vermutung. Die totale Varianz umfaßt alle Komponenten der Varianz, genetische und nicht-genetische. Aus dieser Betrachtung geht hervor, daß die Erbllichkeit eines Merkmals durch die Auswahl erhöht werden kann, wenn die Varianz von Milieu verringert wird, was gewöhnlich auch die Interaktionen zwischen Milieu und Genotypus reduziert. Und weiter findet eine Erhöhung der Erbllichkeit auch in den späteren Generationen der Kreuzungen innerhalb der Autogamen statt, indem die Dominanz- und Epistasisvarianz verschwindet, und zuletzt bleibt nur eine additive genetische Varianz übrig, dann wird die Auswahl unzweifelhaft erleichtert. Aber dieses Schema ist zu einfach, weil Varianzkomponenten von der Interaktion sich nicht leicht ausnehmen lassen.

Die Analyse wurde hier durch die Methode, in der die Komponenten der Varianz in den väterlichen und mütterlichen Anlaß aufgeteilt werden, von ROBERTSON (1959) durchgeführt. In der vorliegenden Arbeit soll eine Kreuzung zwischen zwei Stämmen der Rasse D, die einander lange getrennt erhalten wurden, in den einigen Kombinationen des Versuchs behandelt werden. Jeder der drei männlichen Schmetterlinge eines Stamms wurde mit je drei weiblichen Schmetterlingen des anderen Stamms gekreuzt, und die Abwägung nach der Larvenzucht wurde in 50 Individuen einzel je nach den Geschlechtern in 9 leiblichen Geschwistern des F<sub>1</sub>-Bastards durchgeführt.

TABELLE 1-6-1. Varianzanalyse für die Berechnung des Erbllichkeitsanteils

Faktor	FG	Summe der Quadrate	Mittleres Quadrat
Vater	s-1	Q <sub>3</sub>	E+n D+nd S
Mutter	s(d-1)	Q <sub>2</sub>	E+n D
Kinder	sd(n-1)	Q <sub>1</sub>	E

$$Q_1: \sum_{ijk} y_{ijk}^2 - \sum_i (\sum_k y_{ijk})^2 \cdot 1/n$$

$$Q_2: \sum_{ij} (\sum_k y_{ijk})^2 \cdot 1/n - \sum_i (\sum_{jk} y_{ijk})^2 \cdot 1/nd$$

$$Q_3: \sum_i (\sum_{jk} y_{ijk})^2 \cdot 1/nd - (\sum_{ijk} y_{ijk})^2 \cdot 1/nds$$

s: väterliche Schmetterlingszahl

d: mütterliche Schmetterlingszahl

n: untersuchte Kinderzahl

$$\hat{i}_1 = S/(E+D+S) \quad \hat{i}_2 = D/(E+D+S)$$

$\hat{4}l_1$ : erwarteter Wert von väterlichem Erbllichkeitsanteil

$\hat{4}l_2$ : erwarteter Wert von mütterlichem Erbllichkeitsanteil

$$\text{Signifikanz: } F(S) = \frac{Q_3/(s-1)}{Q_2/s(d-1)} \quad F(D) = \frac{Q_2/s(d-1)}{Q_1/sd(n-1)}$$

TABELLE 1-6-2. Erblchkeitsanteil im Kokongewicht  
(1969, Frühling, Rasse D)

		Charakter und Geschlecht der Kinder			
		PG		KG	
		♀	♂	♀	♂
Effekt der Eltern	♀ Wert	0.673	0.385	0.440	0.296
	F-Test	11.22**	6.75**	7.47**	6.00**
	♂ Wert	0.034	0.263	0.163	0.740
	F-Test	1.14	2.75	1.96	7.22*

\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.05$ )

\*\* " " ( $P < 0.01$ )

Der Erfolg der Varianzanalyse von diesen Daten ist tabellarisch und es zeigt allgemein einen größeren Wert in mütterlicher als in väterlicher Wirkung. Außerdem ist der väterliche Effekt beim nachkommenden Männchen bemerkenswert bzw. der mütterliche Effekt ist beim nachkommenden Weibchen sehr auffallend. TSUCHIYA und KURASHIMA (1957-1959) berichteten, daß der Wert von Erblchkeitsanteil bei der Kreuzung zwischen verschiedenen Rassen bei weiblichen Schmetterlingen größer als bei männlichen und bei den japanischen Rassen übermäßig größer als bei den chinesischen war. Aber sie hatten keine Auffassung über nachkommende Geschlechter. SAIO (1959) berichtete andererseits, daß es bei den Seidenraupen einige quantitativen Charaktere, in denen der Wert von Erblchkeitsanteil je nach den Geschlechtern ziemlich verschieden ausgedrückt wird, gibt.

In diesem Versuch findet die Kreuzung zwischen den verschiedenen Stämmen in der Rasse D statt, erscheint die Wirkung des weiblichen Schmetterlinge bemerkenswert, so ist es denkbar, das Zytoplasma von Eiern diesen Charakter beeinflusst. Bei der Vermutung des Erblchkeitsanteils sind die Wirkungen von dem Wettbewerb zwischen den Individuen innerhalb der Population und die Wechselwirkung zwischen Genotypen und Milieu usw. hier ausgenommen, so würde der wirkliche Wert mehr oder minder kleiner werden.

## Kapitel 2. Unterschied des Kokongewichts in verschiedenen Phänotypen

Forschungen über Genanalyse der Seidenraupen sind in letzter Zeit sehr weit fortgetrieben worden, und bis jetzt sind über zwanzig Kopplungsgruppen bereits klargestellt worden, aber Berichte, die sich auf den quantitativen

Charakter beziehen, sind kaum zu finden, obgleich obenerwähnte Forschungen weiter fortgeschritten sind. Der Autor hat den Unterschied des Kokongewichts, mit dem die verschiedenen Phänotypen direkt verbunden waren, in einigen Kreuzungsversuchen beobachtet, also wurden einige Chromosome untersucht. Zuerst wurde die Kreuzung zwischen einer der verwendeten Rassen und einer rezessiven Rasse (Rasse T) geprüft, und ihr F<sub>1</sub>-Bastard wurde weiter mit der rezessiven Rasse rückgekreuzt und das Verhältnis zwischen Phänotypen und quantitativen Charakteren wurde ausführlich wiederholend in folgender gespalteter Generation analysiert. Der Grad des Beitrags zum quantitativen Charakter läßt sich durch Einheit je nach dem Chromosom oder Gen durch diesen Versuchsplan klarstellen. Aber man muß dies mit Vorsicht auf das folgende behandeln; wenn ein quantitatives Gen auf einem Chromosom bei einer angenommenen Rasse für ein alleles Gen der gekreuzten Rasse (z. B. Rasse T) vollständig dominiert, kann man den vollkommenen Effekt des quantitativen Gens genug erkennen, und wenn es dagegen unvollkommene Dominanz ist, kann man den Effekt nach dem Grad der unvollkommenen Dominanz begreifen, aber es läßt sich im Fall von dem rezessiven Gen gar nicht erkennen. Es ist doch für die Entwicklung der quantitativen Vererbung durch diese Methode notwendig, einzelne Umstände in bezug auf die Kontrolle des quantitativen Charakters nach dem Chromosom oder Gen zu kennen. Der Effekt des Chromosoms oder Gens muß, um es genau zu sagen, unter bestimmtem Muster dem Vergleich unterzogen werden, nämlich zwei angenommene Rassen sollen miteinander denselben erblichen Hintergrund außer dem entsprechenden Chromosom oder Gen haben, um Einfluß von den anderen Chromosomen oder Genen zu vermeiden. So muß man die Chromosome oder Gene durch eine Rasse außer dem geprüften Merkmal ersetzen. Zum Beispiel wird die Rasse A, die Chromosom A hat, mit der Rasse B, die Chromosom a hat, gekreuzt, und Bastardrasse, die Chromosom A hat, wird wiederholend mit der Rasse B gekreuzt, so ist die Ersetzung im Verhältnis zu  $(1/2)^n$  vermehrt, wobei  $n$  Generationszahl der Rückkreuzung ist. Auf diese Weise wird die neugetrennte Rasse gekreuzt und ihre Spaltung des A-a Gens ist geprüft, um den Effekt bei der Einheit je nach dem Chromosom klarzustellen. Aber diese Methode hat einige Schwierigkeiten, nämlich daß viele Generationen bei der Züchtung der getrennten Rasse nötig sind, und daß die Ersetzung der anderen Chromosome dem bloßen Auge unsichtbar ist. Der Grad der Ersetzung beruht auf der mathematischen Wahrscheinlichkeitslehre und so kann die Genhäufigkeit zwar in der Population vermutet werden, aber im Individuum gar nicht klar werden. Wenn es auch final notwendig ist,

meiner Meinung nach, die Methode durch Varianzanalyse bei der Rückkreuzungsgeneration ist hierdurch für die Bestätigung des quantitativen Gens wiederholend durchzuführen (NAKADA 1970 b). Folgende Versuche sind aus einer solchen Absicht analysiert. Als Kreuzungsgegenstand wurde Rasse T, die einige rezessiven Gene hat, gewählt. Seidenraupen wurden hauptsächlich je nach den leiblichen Geschwistern getrennt in Rückkreuzungsversuchen gezüchtet, und am Anfang ihrer Fadenabsonderung wurde die Trennung nach verschiedenen Phänotypen durchgeführt, und zugleich wurde besondere Sorgfalt erfordert, um die Gleichmäßigkeit der Zuchtbedingungen zu behalten. Der Autor beobachtete in der Spaltung der Phänotypen die Fälle, bei denen die Unterschiede zwischen theoretischen und wirklichen Zahlen zu groß waren, und hörte dann mit der quantitativen Analyse auf, weil diese Daten irgendwo mangelhaft waren, aber diese Erscheinung war in Wirklichkeit äußerst selten. Im allgemeinen wurden einige Kombinationen des Chromosoms analysiert, und F-Verfahren durch 2<sup>n</sup> Analyse von YATES (1937) wurde angewandt, um die Unterschiede zwischen Phänotypen sicherzustellen. Analysierte Chromosome und Gene sind wie folgt: 1. Chromosom (X-Chromosom) (*os, e, od*), 2. Chromosom (*p, Y*), 3. Chromosom (*Ze*), 4. Chromosom (*L*), 7. Chromosom (*q*), 10. Chromosom (*w<sub>2</sub>*), 11. Chromosom (*K*), 13. Chromosom (*ch*), 14. Chromosom (*U*), 17. Chromosom (*bts*).

#### 1) 1. Chromosom (Geschlechtschromosom)

Die Geschlechtchromosome bestehen aus den beiden X- und Y-Chromosomen. Das letzte hat einen starken Faktor für die weibliche Geschlechtsbestimmung und bezieht sich nicht auf den direkten Ausdruck der allgemeinen qualitativen Eigenschaften. Aber es ist gewiß, daß das Weibchen, das Y-Chromosom hat, verschieden vom Männchen in bezug auf den Ausdruck des quantitativen Charakters wie Kokongewicht ist, nämlich, z. B. ist das Weibchen schwerer als das Männchen im Puppengewicht, aber sie ist allgemein im Vermögen der Seidenproduktivität nachstehend, um die vielen Eier mit mehr Ernährung zu legen, so sinkt das weibliche Kokonschichtsverhältnis ziemlich herab.

Auf der anderen Seite sind die allgemeinen qualitativen Eigenschaften auf dem X-Chromosom, die wohl durch ihre geschlechtsgebundene Vererbung bekannt sind. So wurden einige von den bereits bekannten Genen aufgenommen, um die Beziehung ihrer Phänotypen und des Kokongewichts klarzustellen. Die hier aufgenommenen Gene sind *os, e* und *od*. Das *os* Gen ist berühmt als die erstmals gefundene geschlechtsgebundene Vererbung und das wurde von TANAKA (1917), NISHIKAWA (1922, 1923) berichtet. Ihre Haut ist ölartig und durchsichtig bis zu einem gewissen Grade. Das *e* Gen

wurde von TANAKA (1924) gefunden, und sein Merkmal besteht in dem verlängerten Segment im Leib. Das *od* Gen zeigt eine durchsichtige Haut und seine Wirkung übertrifft an seinem Grade das *os* Gen. Die Kopplung von diesen Genen wurde von TANAKA (1927) festgestellt.

TABELLE 2-1-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung zwischen Rasse O und Rasse T

(T♀×(T×O)♂, 1971, Herbst, Weichen, 3 Replikationen)

Phänotypen		<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>
Versuch 1	+ Y +	41	94.9 ± 1.32	14.2 ± 0.25	0.85
	+ Y $\tau w_2$	39	100.3 ± 1.76	14.6 ± 0.32	0.76
	+ + +	44	96.5 ± 1.58	14.7 ± 0.30	0.89
	+ + $\tau w_2$	38	100.8 ± 1.88	15.1 ± 0.36	0.89
	<i>os</i> Y +	42	128.2 ± 2.17	17.2 ± 0.41	0.79
	<i>os</i> Y $\tau w_2$	34	131.2 ± 2.28	18.0 ± 0.38	0.85
	<i>os</i> + +	45	129.8 ± 2.06	18.3 ± 0.40	0.90
	<i>os</i> + $\tau w_2$	43	131.4 ± 2.24	18.2 ± 0.43	0.89
Versuch 2	+ Y +	11	102.6 ± 4.05	15.7 ± 0.93	0.97
	+ Y $\tau w_2$	5	110.2 ± 5.44	15.6 ± 0.68	0.71
	+ + +	15	99.7 ± 2.88	15.3 ± 0.66	0.94
	+ + $\tau w_2$	9	104.8 ± 3.67	15.0 ± 0.73	0.57
	<i>os</i> Y +	12	140.3 ± 3.48	19.7 ± 0.79	0.92
	<i>os</i> Y $\tau w_2$	13	135.4 ± 4.97	18.7 ± 0.78	0.90
	<i>os</i> + +	17	141.7 ± 3.50	20.7 ± 0.59	0.91
	<i>os</i> + $\tau w_2$	12	140.1 ± 4.04	19.8 ± 0.73	0.85
Versuch 3	+ Y +	9	103.1 ± 3.69	15.1 ± 0.48	0.82
	+ Y $\tau w_2$	5	100.0 ± 3.24	13.8 ± 0.66	0.54
	+ + +	10	101.2 ± 3.65	15.7 ± 0.82	0.93
	+ + $\tau w_2$	11	106.0 ± 3.70	16.1 ± 0.65	0.90
	<i>os</i> Y +	11	126.1 ± 5.39	16.4 ± 0.88	0.85
	<i>os</i> Y $\tau w_2$	10	127.9 ± 4.62	16.3 ± 0.80	0.92
	<i>os</i> + +	7	116.4 ± 8.61	14.3 ± 1.48	0.96
	<i>os</i> + $\tau w_2$	10	120.9 ± 2.69	15.5 ± 0.58	0.77

*n*: abgewogene Zahl  
 PG: Puppengewicht in cg  
 KG: Kokonschichtgewicht in cg  
 SF: Standardfehler  
*r*: Korrelationskoeffizient

Kreuzungen zwischen Rasse T und Rasse O, E und Nod, die dieselben Gene haben, wurde durchgeführt und das Kokongewicht je nach den Phänotypen wurde in der Rückkreuzungsgeneration untersucht, um die Beziehung zwischen den oben erwähnten qualitativen Merkmalen und den quantitativen Charakteren ins klare zu setzen. Dabei sind die Wirkungen von Autosomen außer dem Geschlechtschromosom zusammen analysiert. In der Rasse E wurde das 7. Chromosom und in der Rasse O wurden das 2. Chromosom sowie das 10. Chromosom und weiter in der Rasse Nod wurde das 2. Chromosom gleichzeitig erforscht.

Ergebnisse von der Kreuzung zwischen Rasse O und Rasse T wurden zuerst im Kreuzungstypus  $T_{\text{♀}} \times F_1\text{♂}$  mit den dreimalig weiblichen Replikationen auf der Tabelle 2-1-1 gezeigt. In dieser Kreuzung gibt es acht

TABELLE 2-1-2. Varianzanalyse durch Yates-Methode mit drei Replikationen

A	B	C	1	2	3	Gesamt	(1)	(2)	(3)	
0	0	0	94.9	102.6	103.1	300.6	611.1	1220.1	2789.5	Gesamt
1	0	0	100.3	110.2	100.0	310.5	609.0	1569.4	28.5	A
0	1	0	96.5	99.7	101.2	297.4	789.1	24.1	-10.9	B
1	1	0	100.8	104.8	106.0	311.6	780.3	4.4	8.9	AB
0	0	1	128.2	140.3	126.1	394.6	9.9	-2.1	349.3	C
1	0	1	131.2	135.4	127.9	394.5	14.2	-8.8	-19.7	AC
0	1	1	129.8	141.7	116.4	387.9	-0.1	4.3	-6.7	BC
1	1	1	131.4	140.1	120.9	392.4	4.5	4.6	0.3	ABC
Gesamt			913.4	974.8	901.6	2789.5				

$(28.5)^2/(8 \times 3) = 33.84$  ..... A  
 $(-10.9)^2/(8 \times 3) = 4.95$  ..... B  
 $(8.9)^2/(8 \times 3) = 3.30$  ..... AB  
 $(349.3)^2/(8 \times 3) = 5083.77$  ..... C  
 $(-19.7)^2/(8 \times 3) = 16.17$  ..... AC  
 $(-6.7)^2/(8 \times 3) = 1.87$  ..... BC  
 $(0.3)^2/(8 \times 3) = 0.00$  ..... ABC

$(913.4^2 + 974.8^2 + 901.6^2)/8 - 2789.5^2/(8 \times 3) = 387.39$  ..... Blöcke  
 $94.9^2 + 100.3^2 + \dots + 116.4^2 + 120.9^2 - 2789.5^2/(8 \times 3) = 5930.93$  ..... Gesamt  
 Gesamt - Blöcke - (A + B + C + AB + AC + BC + ABC) = 399.63 ..... Fehler

A: 0 ..... +            1 .....  $\omega_2$   
 B: 0 ..... Y            1 ..... +  
 C: 0 ..... +            1 .....  $\omega_3$

TABELLE 2-1-3. Varianzanalyse der Daten von Tabelle 2-1-1

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	Summe der Quadrate	Mittleres Quadrat	F
Blöcke	2	387.39	193.70	6.79*
A	1	33.84	33.84	1.19
B	1	4.95	4.95	0.17
C	1	5083.77	5083.77	178.10**
AB	1	3.30	3.30	0.12
BC	1	1.87	1.87	0.07
CA	1	16.17	16.17	0.50
ABC	1	0.00	0.00	0.00
Fehler	14	399.63	28.54	
Gesamt	23	5930.95		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )  
 \* " " (  $P < 0.05$  )  
 A: hauptsächliche Wirkung A (10. Chromosom,  $+-w_2$ )  
 B: " " B ( 2. " ,  $Y-+$  )  
 C: " " C ( 1. " ,  $+-os$  )  
 AB: Wechselwirkung A und B  
 BC: " B und C  
 CA: " C und A  
 ABC: " A, B und C

Phänotypen von der Spaltung der drei Faktoren und sie wurden nicht im Männchen, sondern nur im Weibchen beobachtet, denn die Spaltung des *os* Gens im Männchen ist in den Phänotypen nicht unterscheidbar. Die Methode der Varianzanalyse von YATES (1937) ist auf der Tabelle 2-2-2 tabellarisch und ihre Ergebnisse sind auf der Tabelle 2-2-3 gezeigt. Eine hauptsächliche Wirkung von einem Faktor C in der Kreuzung A ergab hochgradig signifikant auf dem Niveau von 0.01, nämlich der Unterschied zwischen *os* und  $+^{os}$  Phänotypen ist im Puppengewicht bzw. Kokonschichtgewicht statistisch ins klare gestellt worden, und dagegen haben die Wirkungen von Autosomen (Faktor A, B) sowie Wechselwirkungen keinen signifikanten Unterschied ergeben. Diese Erscheinung wird auch in der Kreuzung B und C beobachtet, worin die Wirkungen von Autosomen außer dem Geschlechtschromosom analysiert werden, während der Unterschied des Gewichts zwischen Weibchen und Männchen beim Puppengewicht sehr klar und beim Kokonschichtgewicht zweifelhaft ist. In der Kreuzung D kann man diese Wirkung daher nicht schätzen, weil sie eine Rückkreuzung zu

der dominanten Rasse O ist und keine Spaltung von den Genen der Autosomen zeigt, aber die Wirkung von *os* Gen auf dem X-Chromosom ist hochgradig signifikant wie Kreuzung A. Also handelt sich um das X-Chromosom der Rasse T in bezug auf die geschlechtsgebundene Vererbung und dieses Problem wird im folgenden Kapitel dargestellt werden.

Die Spaltung des *e* Gens wurde in der Kreuzung zwischen Rasse E und Rasse T untersucht. Diese Rasse E hat ein *os* Gen sowie ein *e* Gen

TABELLE 2-1-4. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse O und Rasse T

((T×O)♀×T♂, T♀×(T×O)♂, +*os*, 1971, Herbst, 6 Replikationen)

Puppengewicht

A	B	C	1	2	3	4	5	6	Gesamt
0	0	0	100.4	107.3	118.9	94.9	102.6	103.1	627.2
1	0	0	103.9	106.7	116.7	100.3	110.2	100.0	637.8
0	1	0	103.0	104.1	115.7	96.5	99.7	101.2	620.2
1	1	0	103.1	110.1	110.6	100.8	104.8	106.0	635.4
0	0	1	90.5	96.1	83.4	75.1	81.5	79.2	505.8
1	0	1	90.4	98.5	80.0	78.5	79.4	83.2	510.0
0	1	1	91.0	91.4	82.0	73.5	83.2	79.5	500.6
1	1	1	90.4	91.6	81.1	76.3	78.1	83.4	500.9
			772.7	805.8	788.4	695.9	739.5	735.6	4537.9

A: 0-+*w*<sub>2</sub> 1-*w*<sub>2</sub>    B: 0-Y 1-+*Y*    C: 0-♀ 1-♂

Kokonschichtgewicht

A	B	C	1	2	3	4	5	6	Gesamt
0	0	0	15.7	14.5	15.7	14.2	15.7	15.1	90.9
1	0	0	15.8	14.6	15.9	14.6	15.6	13.8	90.3
0	1	0	16.2	14.2	15.7	14.7	15.3	15.7	91.8
1	1	0	16.2	14.7	14.8	15.1	15.0	16.1	91.9
0	0	1	17.1	15.3	14.3	13.6	15.4	13.8	89.5
1	0	1	16.7	15.8	12.8	14.1	14.4	15.4	89.2
0	1	1	17.4	14.4	14.1	13.6	15.8	15.0	90.3
1	1	1	16.5	14.6	13.6	13.8	14.1	15.2	87.8
			131.6	118.1	116.9	113.7	121.3	120.1	721.7

und Ergebnisse der Varianzanalyse werden auf Tabelle 2-1-8 zusammengefasst. In der Kreuzung A werden beide Gene zugleich im Weibchen mit zwei Replikationen analysiert, und Kreuzung B ist eine Rückkreuzung zur Rasse E, so zeigt sich keine Spaltung zum *os* Gen und dafür kann die Wirkung des *q* Gens auf dem 7. Chromosom unterscheidbar sein. Es zeigt einen sehr bemerkenswerten Unterschied in *e* Allel ( $+^e > e$ ) und seine Wirkung ist in dieser Kreuzung vortrefflicher als die von *os* Allel. Hier sei eine Möglichkeit eine neue geschlechtsgebundene Vererbung außer der Rasse T zu finden. TANAKA (1924) berichtete, daß eine Rasse, die genau ein *e* Gen hatte, das verlängerte Segment sowie das leichtere Gewicht zeigte. Ob diese Erscheinung tatsächlich Pleiotropie ist, muß von jetzt an bestätigt werden.

Im Fall vom *od* Gen wurde Rasse Nod mit Rasse T gekreuzt und der *od* Phänotypus hat die Neigung zu seinem schweren Kokongewicht, obgleich der Unterschied statistisch nicht signifikant ist, und diesbezüglich wird durch die Sammlung der Daten eine klare Beziehung festgestellt.

TABELLE 2-1-5. F-Wert der hauptsächlichen Wirkung  
in der Kreuzung Rasse O und Rasse T

(1971, Herbst)

		1( <i>os</i> )	2( <i>Y</i> )	10( <i>w</i> <sub>2</sub> )	Geschlecht	
Kreuzung A	FG=23					
T♀×F <sub>1</sub> ♂	PG	178.10**	0.17	1.19	—	<i>os</i> >+
(Weibchen)	KG	24.75**	0.28	0.01	—	<i>os</i> >+
Kreuzung B	PG=23					
F <sub>1</sub> ♀×T♂	PG	—	0.29	0.00	45.24**	♀>♂
	KG	—	0.15	0.32	0.09	
Kreuzung C	FG=23					
T♀×F <sub>1</sub> ♂	PG	—	0.15	5.56*	426.48**	<i>w</i> <sub>2</sub> >+, ♀>♂
	KG	—	1.27	0.05	4.17	
Kreuzung B+C	FG=47					
	PG	—	0.48	0.78	214.47**	♀>♂
	KG	—	0.13	0.39	2.33	
Kreuzung D	FG=11					
O♀×F <sub>1</sub> ♂	PG	12.38**	—	—	73.34**	<i>os</i> >+, ♀>♂
	KG	19.63**	—	—	0.48	<i>os</i> >+

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " (P<0.05)

Hier muß man mit Vorsicht behandeln, daß dieselbe Kreuzung wie (reine Rasse ♀ × F<sub>1</sub>-Bastard ♂) beim Austausch manchmal weiterreichend beeinflußt wird. Diese Erscheinung geschieht nur im Männchen bei den Seidenraupen und es zeigt sich im Weibchen eine vollständige Kopplung. Mit anderen Worten enthält der Unterschied beim Phänotypus öfter nicht nur den Effekt des Merkmalgens, sondern auch den Einfluß des Austausches, und das wird die Feststellung des quantitativen Gens weiter komplizieren.

Aus den experimentellen Ergebnissen von X-Chromosom kann der Autor eine interessante Schlußfolgerung ziehen, daß die Wirkung des quantitativen

TABELLE 2-1-6. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse E und Rasse T

(1972, Herbst, 4 Replikationen)

Phänotypen			<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>	
Versuch 1	♀	+	+	43	83.7 ± 1.16	11.4 ± 0.21	0.85
	♀	+	<i>e</i>	19	60.3 ± 1.33	7.5 ± 0.34	0.84
	♀	<i>os</i>	+	18	89.3 ± 2.48	12.3 ± 0.50	0.88
	♀	<i>os</i>	<i>e</i>	26	58.6 ± 1.30	7.0 ± 0.27	0.86
Versuch 2	♀	+	+	42	90.6 ± 1.29	13.0 ± 0.24	0.83
	♀	+	<i>e</i>	17	65.6 ± 1.70	8.5 ± 0.29	0.79
	♀	<i>os</i>	+	19	102.3 ± 2.18	14.9 ± 0.43	0.86
	♀	<i>os</i>	<i>e</i>	20	62.2 ± 1.69	7.3 ± 0.31	0.95
Versuch 3	♀	+	+	17	81.8 ± 2.20	11.2 ± 0.49	0.85
	♀	+	<i>e</i>	23	82.4 ± 1.69	10.5 ± 0.37	0.85
	♀	<i>q</i>	+	9	84.2 ± 3.51	10.4 ± 0.73	0.94
	♀	<i>q</i>	<i>e</i>	10	81.5 ± 3.19	9.8 ± 0.47	0.84
	♂	+	+	24	68.0 ± 1.59	11.8 ± 0.43	0.89
	♂	+	<i>e</i>	23	68.1 ± 1.48	11.2 ± 0.33	0.74
	♂	<i>q</i>	+	24	67.8 ± 1.83	10.8 ± 0.50	0.93
	♂	<i>q</i>	<i>e</i>	16	67.4 ± 2.27	10.2 ± 0.53	0.83
Versuch 4	♀	+	+	31	81.1 ± 1.67	10.4 ± 0.31	0.89
	♀	+	<i>e</i>	25	78.4 ± 1.44	9.8 ± 0.28	0.90
	♀	<i>q</i>	+	27	89.0 ± 1.62	11.7 ± 0.31	0.86
	♀	<i>q</i>	<i>e</i>	19	77.1 ± 1.30	9.7 ± 0.25	0.84
	♂	+	+	23	67.5 ± 1.61	11.5 ± 0.40	0.96
	♂	+	<i>e</i>	27	63.3 ± 1.20	10.3 ± 0.24	0.84
	♂	<i>q</i>	+	36	71.8 ± 1.03	12.7 ± 0.31	0.50
	♂	<i>q</i>	<i>e</i>	27	61.7 ± 0.95	10.1 ± 0.23	0.87

TABELLE 2-1-7. Varianzanalyse in der Rückkreuzung  $E\varphi \times F_1\delta$

Puppengewicht

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	Summe der Quadrate	Mittleres Quadrat	F
Blöcke	1	8.70	8.70	1.03
A	1	59.29	59.29	7.02*
B	1	5.52	5.52	0.65
C	1	891.02	891.02	105.43**
AB	1	23.52	23.52	2.78
BC	1	2.89	2.89	0.34
CA	1	0.42	0.42	0.05
ABC	1	1.96	1.96	0.23
Fehler	7	59.16	8.45	
Gesamt	15	1052.49		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A: hauptsächliche Wirkung A (1. Chromosom,  $+-e$ )

B: " B (7. " ,  $+-g$ )

C: " C (Geschlecht ,  $\varphi-\delta$ )

AB: Wechselwirkung A und B

BC: " B und C

CA: " C und A

ABC: " A, B und C

TABELLE 2-1-8. F-Wert der hauptsächlichen Wirkung in der Kreuzung Rasse E und Rasse T

(1972, Herbst)

		1( <i>os</i> )	1( <i>e</i> )	7( <i>g</i> )	Geschlecht	
Kreuzung A FG = 7						
$T\varphi \times F_1\delta$	PG	2.22	211.86**	—	—	$+>e$
(Weibchen)	KG	0.32	119.50**	—	—	$+>e$
Kreuzung B FG = 15						
$E\varphi \times F_1\delta$	PG	—	7.02*	0.65	105.43**	$+>e, \varphi > \delta$
	KG	—	9.44*	0.20	3.10	$+>e, \delta > \varphi (?)$

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

TABELLE 2-1-9. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse Nod und Rasse T

(T♀×(T×Nod)♂, 1972, Frühling)

Phänotypen			<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>
♀	+	+	129	128.9 ± 0.85	20.2 ± 0.17	0.77
♀	+	<i>p</i>	129	126.7 ± 0.89	19.6 ± 0.18	0.80
♀	<i>od</i>	+	108	133.1 ± 0.97	19.7 ± 0.21	0.66
♀	<i>od</i>	<i>p</i>	115	135.7 ± 0.92	19.7 ± 0.19	0.76
♂	+	+	260	103.2 ± 0.59	19.4 ± 0.09	0.80
♂	+	<i>p</i>	264	100.0 ± 0.57	18.5 ± 0.10	0.86
♂	<i>od</i>	+	—	—	—	—
♂	<i>od</i>	<i>p</i>	—	—	—	—

TABELLE 2-1-10. Varianzanalyse der oben gezeigten Daten

	1( <i>od</i> )	2( <i>p</i> )	
PG	7.42	0.00	keinen gesicherten
KG	1.00	0.67	Unterschied ergeben

Faktors auf dem X-Chromosom der Rasse T eine geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts mit keinem morphologischen Merkmal ist. So soll hier bezüglich dieser Sache nicht in Einzelheiten eingegangen werden und eine genauere Diskussion wird bei einer späteren Gelegenheit geboten werden. Eine gleichartige Erscheinung wird auch bei der Rasse E beobachtet und sie hat eine Eigentümlichkeit ein morphologisches Merkmal zu begleiten, so soll dieses Problem von einem anderen Standpunkt aus analysiert werden.

## 2) 2. Chromosom

Dieses Chromosom könnte das Kokongewicht, wie bereits im vorigen Kapitel erwähnt, beeinflussen. Darum wurden einige Gene auf diesem Chromosom aufgenommen. Das erste ist eine Gruppe von *p* multiplen Allelen, die sich auf den Ausdruck der larvalen Farbe beziehen und einige verschiedene Phänotypen zeigen, und das zweite ist das *Y* Gen, das sich auf die Kokon- und Blutfarbe bezieht. Diese Gene sind äußerst wohlbekannt als ein morphologisches Merkmal der Seidenraupen und ihre Genanalyse wurde früher von TOYAMA (1906), TANAKA (1913) und UDA (1919) ausgeführt. Die reziproken Kreuzungen zwischen Rassen C, S, K, und T fanden darum statt, um die Beziehung zwischen verschiedenen Phänotypen und dem Kokongewicht klarzustellen..

Ergebnisse in der Kreuzung zwischen Rasse C und Rasse S wurden auf Tabelle 2-2-1 gezeigt. Rasse S hat eine Eigentümlichkeit, doppelt dominant bezüglich beiden Genen  $p^s$  und  $Y$  zu sein sowie relativ leichteres Kokongewicht zu zeigen. Dagegen zeigt Rasse C eine doppelte rezessive Eigenschaft, während ihr  $Y$ -Chromosom ein Bruchstück vom 2. Chromosom künstlich transloziert worden ist. In der Rückkreuzung zeigt ein Kreuzungstypus  $F_1 \text{♀} \times C \text{♂}$  eine vollständige Kopplung und im Gegenteil zeigt die Umgekehrte  $C \text{♀} \times F_1 \text{♂}$  auch neugemachte Phänotypen durch den Austausch, so kann man den Austauschwert zwischen  $p$  und  $Y$  Allel direkt berechnen. Zuerst wurde die Varianzanalyse von den gesamten Daten analysiert und dadurch wurden die Wirkungen von drei hauptsächlich

TABELLE 2-2-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung zwischen Rasse C und Rasse S

(1965, Frühling und Sommer)

		$p^s Y$		$p^s +$		$p Y$		$p +$	
		PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
Frühling									
$(C \times S) \text{♀} \times C \text{♂}$	♀	139.7	28.3	—	—	—	—	145.8	29.3
	♂	107.2	26.4	—	—	—	—	107.8	26.5
$C \text{♀} \times (C \times S) \text{♂}$	♀	133.3	27.9	136.0	28.3	144.4	29.1	146.9	29.4
	♂	105.3	27.8	104.6	28.2	112.2	29.6	105.0	27.8
$(S \times C) \text{♀} \times C \text{♂}$	♀	137.9	27.4	—	—	—	—	141.2	28.6
	♂	104.8	26.1	—	—	—	—	102.6	25.5
$C \text{♀} \times (S \times C) \text{♂}$	♀	128.9	25.6	129.5	25.8	131.8	25.2	136.2	27.1
	♂	104.2	25.8	99.1	24.5	99.5	24.6	99.8	25.1
Sommer									
$(C \times S) \text{♀} \times C \text{♂}$	♀	89.5	16.2	—	—	—	—	91.9	16.8
	♂	69.3	15.5	—	—	—	—	72.6	16.4
$C \text{♀} \times (C \times S) \text{♂}$	♀	91.7	16.7	89.6	16.1	108.5	17.0	103.1	17.4
	♂	71.9	16.1	72.0	15.9	82.3	18.1	76.3	16.5
$(S \times C) \text{♀} \times C \text{♂}$	♀	93.9	15.4	—	—	—	—	99.3	17.1
	♂	74.9	15.7	—	—	—	—	79.1	17.1
$C \text{♀} \times (S \times C) \text{♂}$	♀	96.0	17.4	90.8	16.2	106.0	17.8	101.8	17.2
	♂	79.0	16.8	74.4	16.2	76.7	17.2	77.2	16.2

abgewogene Zahl: 10-30

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

TABELLE 2-2-2. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse K und Rasse S

(1965-1967)

		$p^s Y$		$p^s +$		$+ Y$		$++$	
		PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
1965 Frühling									
(K×S) ♀×K ♂	♀	123.3	17.9	—	—	—	—	127.3	18.3
	♂	91.3	16.5	—	—	—	—	99.9	17.5
K♀×(K×S) ♂	♀	138.3	19.9	138.4	19.8	141.0	19.8	140.3	20.3
	♂	98.0	17.7	98.3	18.3	99.1	17.9	99.4	18.0
(S×K) ♀×K ♂	♀	134.3	19.9	—	—	—	—	140.1	20.5
	♂	97.7	18.1	—	—	—	—	104.5	19.3
K♀×(S×K) ♂	♀	131.7	18.4	135.3	18.8	134.4	18.3	137.8	18.8
	♂	97.9	17.1	100.7	17.4	101.5	17.2	100.8	17.5
1965 Sommer									
(K×S) ♀×K ♂	♀	91.8	10.6	—	—	—	—	97.3	11.4
	♂	69.1	9.6	—	—	—	—	75.7	10.9
K♀×(K×S) ♂	♀	101.8	12.7	106.2	13.8	101.4	12.0	101.2	12.4
	♂	73.5	11.5	72.3	12.0	77.7	11.7	76.5	11.8
(S×K) ♀×K ♂	♀	87.7	10.5	—	—	—	—	94.6	11.6
	♂	65.2	9.4	—	—	—	—	72.5	11.0
K♀×(S×K) ♂	♀	84.3	10.7	83.4	10.0	97.0	12.8	91.7	11.7
	♂	65.5	10.4	65.7	11.0	65.6	10.6	68.4	10.9
1966 Frühling									
(K×S) ♀×K ♂	♀	105.5	16.1	—	—	—	—	111.2	16.6
	♂	75.0	14.3	—	—	—	—	84.5	15.8
K♀×(K×S) ♂	♀	104.8	14.0	109.4	14.8	111.0	15.4	108.5	15.1
	♂	78.8	13.8	81.2	14.2	78.7	14.0	79.3	14.2
(S×K) ♀×K ♂	♀	117.1	17.1	—	—	—	—	124.0	17.3
	♂	86.4	15.0	—	—	—	—	91.9	16.1
K♀×(S×K) ♂	♀	115.3	16.9	110.9	16.6	119.6	16.3	119.8	17.2
	♂	82.0	15.8	85.3	16.2	86.2	16.2	86.8	16.4
1966 Sommer									
(K×S) ♀×K ♂	♀	113.6	13.7	—	—	—	—	118.7	14.6
	♂	83.0	12.2	—	—	—	—	89.8	13.9
K♀×(K×S) ♂	♀	97.6	10.6	106.2	12.0	105.6	11.8	106.3	12.8
	♂	78.3	10.6	82.0	12.1	87.3	13.8	85.0	12.8
(S×K) ♀×K ♂	♀	98.4	10.7	—	—	—	—	110.4	12.8
	♂	76.6	10.7	—	—	—	—	83.2	12.1
K♀×(S×K) ♂	♀	113.3	14.6	107.2	13.2	117.0	14.3	115.3	14.1
	♂	83.2	13.2	86.1	13.4	88.1	13.6	90.5	14.5

		$p^sY$		$p^{s+}$		$+Y$		$++$	
		PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
1967 Frühling									
(K×S)♀×K♂	♀	126.0	19.2	—	—	—	—	132.5	20.2
	♂	94.5	18.0	—	—	—	—	100.8	19.0
K♀×(K×S)♂	♀	140.7	20.5	144.1	21.3	148.1	21.3	145.4	21.1
	♂	101.8	18.9	105.2	19.2	98.6	18.6	103.8	19.2
(S×K)♀×K♂	♀	127.2	19.5	—	—	—	—	137.8	19.8
	♂	94.2	17.9	—	—	—	—	99.2	18.0
K♀×(S×K)♂	♀	135.1	20.8	139.4	20.7	144.5	21.3	139.1	20.7
	♂	97.3	18.8	97.0	19.1	100.4	18.9	101.5	19.1

abgewogene Zahl: 10-50

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

Faktoren ins klare gesetzt, wie auf Tabelle 2-2-7 gezeigt wird. Eine hauptsächliche Wirkung A zeigt den Unterschied zwischen doppelten dominanten und doppelten rezessiven Phänotypen nämlich  $p^sY$  und  $p^{+Y}$ , aber sie ist noch nicht signifikant auf dem Niveau 0.05, obgleich das Phänotypus  $p^{+Y}$  eine Neigung hat, sein Kokongewicht etwas als das im anderen Phänotypus  $p^sY$  zu vergrößern. Ein Unterschied zwischen beiden Geschlechtern wurde von der hauptsächlichen Wirkung B analysiert und er ist hochgradig signifikant. Eine andere Wirkung C und Wechselwirkungen von zwei oder drei Faktoren zeigen Fälle, in denen dies sinnlos wird. Der F-Wert von den Blöcken ist in hohem Grade signifikant, und das bedeutet einen erheblichen Unterschied zwischen zwei Jahreszeiten für Züchtung der Seidenraupen. Darauf folgend wurde die Analyse von den getrennten Daten je nach den Kopplungsverhältnissen nämlich  $C♀ \times F_1♂$  und  $F_1♀ \times C♂$  ausgeführt, und dieser soll mehr genaue Ergebnisse außer dem Einfluß vom doppelten Austausch zeigen und jener läßt den Einfluß von Austausch zwischen  $p$  und  $Y$  Allel direkt sehen. Im Fall von der vollständigen Kopplung zeigt sich ein ähnliches Ergebnis wie bei den oben erwähnten gesamten Daten (Tabelle 2-2-11). Andererseits kommen die Rekombinationstypen durch Austausch des 2. Chromosoms in der Rückkreuzung  $C♀ \times F_1♂$  vor, so daß der einzelne Einfluß von  $p$  bzw.  $Y$  Allel in diesem Chromosom mathematisch bewiesen wird. Ergebnisse der Varianzanalyse sind auf Tabelle 2-2-14 gezeigt. In diesem Versuch wurden drei Faktoren nämlich zwei Allele und das Geschlecht gleichzeitig analysiert. Eine hauptsächliche Wirkung A zeigt in der Richtung  $p > p^s$  einen merkwürdigen Einfluß und dagegen zeigt

Wirkung B keinen Unterschied. Wechselwirkung zwischen A und B ist auch kein signifikanter Wert. Einfluß von Wirkung C (Geschlecht) oder Blöcke (Replikationen) stimmt, wie erwartet, ausgezeichnet mit den oben

TABELLE 2-2-3. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse T und Rasse S

(1970, Sommer)

			$p^S Y$		$p^S +$		$p Y$		$p +$	
			PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
$(S \times T) \varphi \times T \delta$										
+	+	♀	100.0	15.1	—	—	—	—	103.3	15.4
		♂	74.8	13.8	—	—	—	—	74.6	13.7
+	$w_2$	♀	95.9	14.7	—	—	—	—	104.2	15.4
		♂	72.8	13.2	—	—	—	—	76.2	14.0
$ch$	+	♀	99.3	15.3	—	—	—	—	103.2	15.2
		♂	74.9	13.7	—	—	—	—	76.4	14.3
$ch$	$w_2$	♀	99.7	15.2	—	—	—	—	104.9	15.7
		♂	77.1	14.6	—	—	—	—	76.0	14.2
$T \varphi \times (S \times T) \delta$ Nr. 1										
+	+	♀	96.2	12.9	97.8	13.8	96.6	12.8	103.9	13.9
		♂	77.8	12.7	76.8	13.3	77.0	13.6	75.8	12.8
+	$w_2$	♀	99.8	13.4	94.0	12.0	111.7	14.9	98.7	13.6
		♂	73.9	12.8	78.8	13.1	80.3	13.5	75.9	12.9
$ch$	+	♀	102.2	14.5	106.0	14.6	94.4	13.7	108.8	15.8
		♂	74.1	12.9	74.2	13.7	73.6	13.1	74.2	13.5
$ch$	$w_2$	♀	99.4	13.4	99.6	13.0	111.5	15.7	108.2	15.3
		♂	73.0	13.3	70.2	12.4	73.7	13.7	79.4	14.3
$T \varphi \times (S \times T) \delta$ Nr. 2										
+	+	♀	98.3	13.7	97.6	13.9	96.2	14.8	99.9	14.3
		♂	73.2	13.2	73.0	13.5	68.2	12.2	76.6	13.9
+	$w_2$	♀	95.7	13.7	103.8	14.4	99.0	13.9	100.3	14.5
		♂	75.2	13.5	70.9	13.6	77.8	13.6	77.2	13.4
$ch$	+	♀	97.4	13.1	98.0	12.5	98.9	13.6	105.3	14.3
		♂	76.9	13.2	69.2	11.5	78.6	13.3	74.4	13.0
$ch$	$w_2$	♀	96.0	13.0	102.6	14.4	99.8	13.8	103.9	14.6
		♂	71.3	12.3	74.2	12.7	78.3	13.0	80.7	14.3

abgewogene Zahl: 10-40

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

erwähnten Ergebnissen überein. Eine Wechselwirkung zwischen C und A zeigt im Puppengewicht einen signifikanten Unterschied ( $P < 0.05$ ), und das könnte eine direkte Ursache dafür sein, daß das Y-Chromosom der Rasse C im translozierten Segment vom 2. Chromosom außer dem eigentlichen Teil besteht, so gibt es eine Möglichkeit, daß der Ausdruck des Kokongewichts je nach den Geschlechtern verschieden ist.

Die Daten von der Kreuzung Rasse K und Rasse S wurden auf Tabelle 2-2-2 gezeigt. In dieser Kreuzung wurde Rasse K, die das +<sup>p</sup> Gen anstatt des p Gens in der Rasse C hat, verglichen, um die Wirkung von Genen ebenso in den verschiedenen Kreuzungen zu schätzen. Ergebnisse der Varianzanalyse von den gesamten Daten sind dargestellt in Tabelle 2-2-8. Dieser Versuch hat fünf Replikationen, so kann man sich mit den Er-

TABELLE 2-2-4. Kokongewicht in der Rückkreuzung zwischen Rasse T und Rasse S

(1970, Herbst)

			<i>p<sup>s</sup>Y</i>		<i>p<sup>s</sup>+</i>		<i>p<sup>Y</sup></i>		<i>p+</i>	
			PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
(S×T) ♀ × T ♂										
+	+	♀	99.9	13.6	—	—	—	—	101.9	13.4
		♂	70.9	11.9	—	—	—	—	72.5	11.7
+	<i>w</i> <sub>2</sub>	♀	100.4	14.0	—	—	—	—	101.3	13.0
		♂	70.4	11.4	—	—	—	—	75.0	12.2
<i>ch</i>	+	♀	91.6	12.6	—	—	—	—	97.6	13.0
		♂	67.5	11.4	—	—	—	—	68.6	11.1
<i>ch</i>	<i>w</i> <sub>2</sub>	♀	90.9	12.4	—	—	—	—	98.9	13.1
		♂	70.9	12.0	—	—	—	—	69.0	11.7
T ♀ × (S × T) ♂										
+	+	♀	106.1	13.7	114.6	15.6	106.5	14.1	112.6	14.3
		♂	80.8	13.3	87.9	14.3	80.8	13.0	82.0	13.3
+	<i>w</i> <sub>2</sub>	♀	105.9	13.9	105.2	14.0	112.8	14.8	108.6	13.8
		♂	76.4	12.0	79.8	12.5	84.0	13.0	84.5	13.4
<i>ch</i>	+	♀	98.9	13.3	107.9	14.3	97.6	12.4	106.7	14.1
		♂	73.7	12.3	75.5	12.3	81.4	13.1	75.1	12.5
<i>ch</i>	<i>w</i> <sub>2</sub>	♀	100.2	13.1	105.2	13.8	101.7	13.0	106.1	13.8
		♂	76.5	12.4	79.4	12.6	79.2	12.9	76.9	12.7

abgewogene Zahl: 10-40

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

gebnissen wohl zufrieden geben. Ein Phänotypus  $+^p+^y$  ist hervorragend als Phänotypus  $p^sY$  im Kokongewicht bei dieser Kreuzung, und das ist hochgradig signifikant, so gibt es einen Unterschied zwischen Rasse C und Rasse K. Der Fall der vollständigen Kopplung ist auf Tabelle 2-2-12 gezeigt und ist fast identisch mit den Ergebnissen von den gesamten Daten. Die nähere Analyse zu diesem Verhältnis wurde auf Tabelle 2-2-15 gezeigt und Wirkung A nämlich der Unterschied zwischen  $p^s$  und  $+^p$  kommt ausgezeichnet hervor. Dagegen gibt es kaum eine Veränderung vom Unterschied zwischen  $Y$  und  $+^y$  (Wirkung B) auch bei dieser Kreuzung, und die Wechselwirkungen von den drei Faktoren sind schwer zu unterscheiden.

Die nächste Prüfung wurde in der Kreuzung zwischen Rasse T und Rasse S durchgeführt und ein Teil der Daten zeigt gleichzeitig eine Spaltung

TABELLE 2-2-5. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse T und Rasse S

(1970, Herbst)

			$p^sY$		$p^s+$		$p^yY$		$p^+$	
			PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
$(T \times S) \varphi \times T \delta$										
+	+	♀	99.2	13.6	—	—	—	—	103.2	13.9
		♂	90.1	14.4	—	—	—	—	94.5	14.9
+	$w_2$	♀	100.5	13.5	—	—	—	—	99.8	13.2
		♂	86.6	13.1	—	—	—	—	91.3	14.0
$ch$	+	♀	94.7	13.1	—	—	—	—	97.7	13.3
		♂	86.7	13.5	—	—	—	—	91.4	14.6
$ch$	$w_2$	♀	98.9	13.7	—	—	—	—	99.3	13.4
		♂	84.2	13.1	—	—	—	—	88.9	13.8
$T \varphi \times (T \times S) \delta$										
+	+	♀	192.7	12.8	114.8	14.1	112.7	13.5	111.9	13.4
		♂	80.4	12.4	77.6	12.7	82.1	12.8	80.2	12.4
+	$w_2$	♀	103.2	12.8	101.3	12.7	100.8	12.5	110.9	13.7
		♂	83.9	13.3	77.9	11.9	78.3	12.3	82.3	11.9
$ch$	+	♀	99.4	11.6	97.5	11.4	100.7	12.1	103.7	12.5
		♂	78.4	12.0	80.0	11.2	79.0	11.3	75.8	11.4
$ch$	$w_2$	♀	99.3	12.0	98.5	11.8	98.0	11.8	107.6	12.6
		♂	74.6	11.2	75.4	11.4	79.6	11.3	75.6	11.2

abgewogene Zahl: 10-50

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

von einigen Phänotypen auf dem 10. und 13. Chromosom (1970, Sommer und Herbst). Ergebnisse der Varianzanalyse von 1965 bis 1968 wurden auf Tabelle 2-2-9 zusammengefasst. Die hauptsächlichen Wirkungen A, B und C bzw. Wechselwirkung BC sind hochgradig signifikant besonders im Puppengewicht, und das zeigt ähnliche Tendenzen wie bei den oben erwähnten Kreuzungen bezüglich der Wirkung A oder B. Zusätzlich zu diesen Tatsachen hat die wichtige Eigenschaft, daß die Wirkung C und die Wechselwirkung BC im Puppengewicht auf dem Niveau 0.01 bzw. im Kokonschichtgewicht auf dem Niveau 0.05 signifikant sind. Der Effekt von der Wechselwirkung BC ist im Fall von der vollständigen Kopplung immer

TABELLE 2-2-6. Kokongewicht in der Rückkreuzung zwischen Rasse T und Rasse K

(1970, Sommer)

		+ +		+ w <sub>2</sub>		p +		p w <sub>2</sub>	
		PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
(K×T) ♀×T ♂									
+	♀	97.1	15.0	102.0	15.3	98.1	15.2	96.6	14.3
	♂	71.1	13.3	72.1	13.9	71.0	13.8	71.2	13.6
ch	♀	100.5	15.6	101.6	15.4	96.4	14.5	100.9	16.3
	♂	72.3	13.9	74.3	14.3	70.2	13.5	71.5	13.4
T♀×(K×T) ♂									
+	♀	110.4	16.8	108.8	16.1	107.9	16.0	111.9	16.9
	♂	83.3	15.6	77.4	14.8	76.2	14.7	71.9	13.8
ch	♀	109.7	16.7	114.2	17.3	109.6	16.8	103.8	15.7
	♂	85.2	16.9	80.4	15.8	83.9	16.1	81.1	15.7
(T×K) ♀×T ♂									
+	♀	100.6	15.7	100.8	15.6	100.5	15.8	105.2	16.5
	♂	87.2	17.1	92.5	18.1	92.7	18.1	95.9	18.5
ch	♀	97.6	15.9	97.9	15.4	95.2	15.3	95.7	15.2
	♂	86.7	17.1	87.8	16.7	88.0	17.6	89.7	17.6
T♀×(T×K) ♂									
+	♀	103.1	15.4	103.9	16.0	106.5	16.2	103.6	16.3
	♂	71.6	14.6	77.7	15.6	78.8	15.8	72.5	13.9
ch	♀	105.4	17.0	110.0	17.1	110.0	16.9	103.2	15.7
	♂	80.9	16.3	78.1	15.8	79.2	15.9	76.4	15.3

abgewogene Zahl: 10-30

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

TABELLE 2-2-7. Varianzanalyse der Daten von Tabelle 2-2-1  
(1965, Frühling und Sommer, 2 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	1	241.118**	917.821**
A	1	2.437	2.513
B	1	138.371**	8.636*
C	3	0.106	1.690
AB	1	1.843	1.599
BC	3	0.093	0.177
CA	3	0.281	0.313
ABC	3	0.216	0.092
Fehler	15		
Gesamt	31		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A: hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $p^{SY}-p+$ )

B: " " B (Geschlecht,  $\varphi-\delta$ )

C: " " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-8. Varianzanalyse der Daten von Tabelle 2-2-2  
(1965-1967, 5 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	4	98.834**	204.871**
A	1	16.459**	12.509**
B	1	513.708**	23.990**
C	3	0.734	1.394
AB	1	0.031	0.350
BC	3	0.209	0.024
CA	3	0.441	0.377
ABC	3	0.122	0.107
Fehler	60		
Gesamt	79		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A: hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $p^{SY}-++$ )

B: " " B (Geschlecht,  $\varphi-\delta$ )

C: " " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-9. Varianzanalyse in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse T und Rasse S

(1965-1968, 6 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F (PG)	F (KG)
Blöcke	5	42.036**	90.876**
A	1	6.727**	3.524
B	1	252.942**	2.033
C	3	6.678**	3.989*
AB	1	0.137	0.353
BC	3	7.930**	3.894*
CA	3	0.234	0.469
ABC	3	0.024	0.046
Fehler	75		
Gesamt	95		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A : hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $p^sY-p+$ )

B : " B (Geschlecht,  $\varphi-\delta$ )

C : " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-10. Varianzanalyse in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse T und Rasse K

(1965-1966, 4 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F (PG)	F (KG)
Blöcke	3	96.812**	118.260**
A	1	1.168	2.125
B	1	212.494**	0.377
C	3	4.433**	4.247*
AB	1	0.026	0.006
BC	3	6.291**	3.041*
CA	3	0.071	0.425
ABC	3	0.316	0.132
Fehler	45		
Gesamt	63		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A : hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $+ - p$ )

B : " B (Geschlecht,  $\varphi-\delta$ )

C : " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-11. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse C und Rasse S im Fall von der vollständigen Kopplung (1965, Frühling und Sommer,  $F_1\varphi \times C\delta$ , 2 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	1	34.50**	409.33**
A	1	0.09	1.99
B	1	9.44*	6.76*
C	1	0.09	0.59
AB	1	0.81	0.28
BC	1	0.01	0.32
CA	1	0.02	0.18
ABC	1	0.00	0.28
Fehler	7		
Gesamt	15		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A : hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $p^sY - p+$ )

B : " B (Geschlecht,  $\varphi - \delta$ )

C : " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-12. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse K und Rasse S im Fall von der vollständigen Kopplung (1965-1967,  $F_1\varphi \times K\delta$ , 5 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	4	52.88**	145.57**
A	1	16.62**	13.93**
B	1	301.70**	17.44**
C	1	0.96	0.03
AB	1	0.00	0.55
BC	1	0.22	0.02
CA	1	0.08	0.00
ABC	1	0.40	0.11
Fehler	28		
Gesamt	39		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A : hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $p^sY - ++$ )

B : " B (Geschlecht,  $\varphi - \delta$ )

C : " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-13. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse T und Rasse S im Fall von der vollständigen Kopplung (1965-1968,  $F_1\varphi \times T\delta$ , 6 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	5	22.03**	44.52**
A	1	3.25	1.07
B	1	125.47**	1.71
C	1	2.71	3.33
AB	1	0.05	0.30
BC	1	24.27**	12.10**
CA	1	0.09	0.74
ABC	1	0.08	0.06
Fehler	35		
Gesamt	47		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A: hauptsächliche Wirkung A (Phänotypen,  $p^S Y - p +$ )

B: " B (Geschlecht,  $\varphi - \delta$ )

C: " C (Kreuzungstypen)

TABELLE 2-2-14. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse C und Rasse S im Fall von der unvollständigen Kopplung (1965, Frühling und Sommer,  $C\varphi \times F_1\delta$ , 4 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	3	152.46**	894.53**
A	1	16.99**	9.18**
B	1	1.43	2.12
C	1	312.73**	5.59*
AB	1	0.00	0.09
BC	1	0.42	3.76
CA	1	6.85*	0.53
ABC	1	0.02	2.68
Fehler	21		
Gesamt	31		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A: hauptsächliche Wirkung A ( $p$  Allel,  $p^S - p$ )

B: " B ( $Y$  Allel,  $Y - +$ )

C: " C (Geschlecht,  $\varphi - \delta$ )

TABELLE 2-2-15. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse K und Rasse S im Falle von der unvollständigen Kopplung (1965-1967,  $K\varphi \times F_1\delta$ , 10 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	9	87.87**	207.77**
A	1	9.30**	5.16*
B	1	0.51	2.68
C	1	908.48**	44.60**
AB	1	0.90	0.49
BC	1	0.28	0.49
CA	1	0.70	0.04
ABC	1	0.30	0.13
Fehler	63		
Gesamt	79		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A : hauptsächliche Wirkung A ( $p$  Allel,  $p^S - +$ )

B : " B (Y Allel,  $Y - +$ )

C : " C (Geschlecht,  $\varphi - \delta$ )

TABELLE 2-2-16. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse T und Rasse S im Fall von der unvollständigen Kopplung (1966-1968,  $T\delta \times F_1\varphi$ , 8 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F(PG)	F(KG)
Blöcke	7	16.67**	43.53**
A	1	2.44	0.01
B	1	7.16*	6.99*
C	1	820.74**	26.94**
AB	1	0.15	0.04
BC	1	0.90	3.70
CA	1	2.63	0.67
ABC	1	1.67	1.68
Fehler	49		
Gesamt	63		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

A : hauptsächliche Wirkung A ( $p$  Allel,  $p^S - p$ )

B : " B (Y Allel,  $Y - +$ )

C : " C (Geschlecht,  $\varphi - \delta$ )

TABELLE 2-2-17. F-Wert der hauptsächliche Wirkung  
in der Kreuzung Rasse S und Rasse T

(1970, Sommer und Herbst)

		2( <i>p</i> )	2( <i>Y</i> )	10( <i>w</i> <sub>2</sub> )	13( <i>ch</i> )	
1970 Sommer						
(S×T)♀×♂	FG=15					
PG		13.16**	0.04	2.38		<i>p</i> > <i>p</i> <sup>S</sup> <i>Y</i>
KG		4.68	0.22	7.44*		<i>ch</i> > +
T♀×(S×T)♂	FG=63					
PG		10.29**	1.36	2.47	1.20	<i>p</i> > <i>p</i> <sup>S</sup>
KG		12.98**	0.97	0.54	0.49	<i>p</i> > <i>p</i> <sup>S</sup>
1970 Herbst						
F <sub>1</sub> ♀×T♂	FG=31					
PG		16.16**	0.02	26.39**		<i>p</i> > <i>p</i> <sup>S</sup> <i>Y</i> , + > <i>ch</i>
KG		1.07	1.07	4.76*		+ > <i>ch</i>
T♀×F <sub>1</sub> ♂	FG=63					
PG		4.44*	5.53*	1.72	37.18**	<i>p</i> > <i>p</i> <sup>S</sup> , + > <i>Y</i> , + > <i>ch</i>
KG		0.68	2.91	2.74	51.62**	+ > <i>ch</i>
Gesamt	FG=63					
PG		36.07**	0.02	65.14**		<i>p</i> > <i>p</i> <sup>S</sup> <i>Y</i> , + > <i>ch</i>
KG		3.26	0.76	19.99**		+ > <i>ch</i>

\*\* einen gesierten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " " (P<0.05)

TABELLE 2-2-18. F-Wert der hauptsächliche Wirkung  
in der Kreuzung Rasse K und Rasse T

(1970, Sommer)

		2( <i>p</i> )	10( <i>w</i> <sub>2</sub> )	13( <i>ch</i> )	Geschlecht	
Versuch 1	FG=63					
PG		0.32	0.01	0.13	254.27**	♀ > ♂
KG		0.40	0.15	1.61	2.43	
Versuch 2	FG=63					
PG		1.12	0.02	0.46	—	
KG		1.07	0.40	4.27*	—	<i>ch</i> > +

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " " (P<0.05)

stärker geworden, wie auf Tabelle 2-2-13 gezeigt, und die Wirkung B hat keinen statistisch großen Unterschied im Kokonschichtgewicht, obgleich das Puppengewicht vom Weibchen das vom Männchen etwas übertrifft. Abgesehen von der geschlechtsgebundenen Vererbung gibt es wohl keinen besonderen Grund für diese Erscheinung, nämlich es handelt sich um das X-Chromosom der Rasse T und das besteht in der Zusammensetzung des Geschlechtschromosoms bei den Nachkommenschaften. Einzelheiten dazu finden sich weiter unten (vgl. Kapitel 3). Ergebnisse von der unvollständigen Kopplung wurden auf Tabelle 2-2-16 gezeigt und der Unterschied der Phänotypen wurde je nach den verschiedenen Allelen verglichen. In diesem Versuch findet sich, daß der Effekt von  $Y$  Allel als der von  $p$  Allel im Gegensatz zu den oben erwähnten Kreuzungen größer geworden ist. Dieser Effekt von  $Y$  Allel wurde auch in der folgenden Analysen (1970) beobachtet, aber die Streuung dieser Werte ist erheblich und es zeigt sich oft zugleich auch bei  $p$  Allel ein ziemlicher Unterschied, wie aus Tabelle 2-2-17 ersichtlich ist.

In der Kreuzung zwischen Rasse T und Rasse K wurde der Unterschied der verschiedenen Phänotypen nämlich  $p$  und  $+^p$ , mit der Spaltung vom 10. bzw. 13. Chromosom zugleich analysiert. Es zeigt sich eine komplizierte Spaltung bezüglich ihrer Eierfarbe auf dem 10. Chromosom durch die mütterliche Vererbung, in der ein Genotypus öfter verschiedene Phänotypen zeigt. Wie auf Tabelle 2-2-10 gezeigt wurde, ist die Wirkung A nicht klar, sondern beide Wirkungen B und C sind besonders im Puppengewicht hochgradig signifikant. Diese Tatsache zeigt hier einen Fall, daß der Unterschied der Phänotypen auf diesem Chromosom sich nicht immer direkt auf das Kokongewicht bezieht. Der Einfluß vom Geschlecht ist im Puppengewicht sehr klar, aber sein Unterschied ist im Kokonschichtgewicht verschwunden. Durch die Erscheinung der Wechselwirkung zwischen Geschlecht und Kreuzungstypen wird die geschlechtsgebundene Vererbung bestätigt, wie bereits in der Kreuzung zwischen Rasse T und Rasse S erwähnt. In der folgenden Kreuzung (1970, Sommer) bestehen keine größeren Verschiedenheit der Ergebnisse.

Das larvale Wappen ist ein auffallendes Merkmal in den allgemeinen Eigenschaften von Seidenraupen, so wird das als ein Kennzeichen für die Auswahl des Kokongewichts leicht aufgenommen. Also gibt es einige Berichte in bezug auf dieses Problem. TANAKA (1926) berichtete einen Fall, in dem eine Rasse ohne das Wappen des Halbmondes der Larve einer normalen in ihrem Kokongewicht nachgestanden war. MUROGA (1950) zeigte ein Beispiel, daß der Unterschied zwischen  $p$  und  $+^p$  sowie  $p$  und  $p^s$

bei der Spaltung der Phänotypen in den Rückkreuzungen bzw.  $F_2$ -Bastarden bestätigt worden war und der Phänotypus vom  $p$  Gen auf jeden Fall im Kokongewicht übertroffen hatte. YASUDA (1954) brachte dieses Problem zur Erörterung, daß eine Möglichkeit zur Verbesserung des praktischen Charakters als Merkmal von diesen Genen auf dem 2. Chromosom sein könnte. Außerdem gab es einige Berichte (HIROBE und PAL SINGH 1961, TAKIZAWA und NAKADA 1964, 1967) bezüglich diesem Problem. Aus diesen Tatsachen ist es gewiß, daß der Unterschied zwischen Phänotypen vom 2. Chromosom sich auf den Ausdruck des Kokongewichts direkt bezieht. Aus meiner Prüfung ist es klar geworden, daß der Effekt zum Ausdruck des Kokongewichts je nach den Teilen des Chromosoms wie  $p$  und  $Y$  Allel verschieden ist, und das deutet die Verteilung des quantitativen Gens auf diesem Chromosom an. Im allgemeinen ist die Erscheinung von Heterosis des quantitativen Charakters äußerst beträchtlich, aber der Phänotypus von Heterozygoten steht hinter dem von Homozygoten im Fall der vollständigen Kopplung zurück. Obgleich Heterosis der gesamte Effekt von allen Heterozygoten ist, ist der zerstückelte Effekt je nach den Chromosomen oft verschieden. Das bedeutet den Effekt der gesammelten Gene sowie die Gültigkeit der Auswahl beim quantitativen Charakter. Aus den Daten von der unvollständigen Kopplung kann man den Effekt der verschiedenen Genlage klarstellen. Der Unterschied scheint ein wichtiger Punkt zu sein für die Erklärung von der Verteilung des quantitativen Gens auf diesem Chromosom. Nämlich diese Gene sind nicht gleichmäßig verteilt, sondern befinden sich in einem begrenzten Gebiet in Zusammenballung. Diese Erscheinung bezieht sich auf keinen direkten Effekt durch das  $p$  bzw.  $Y$  Hauptgen (Pleiotropie), sondern auf einige quantitativen Gene, die in der Nähe dieser qualitativen Gene liegen. Das wird auch von Ergebnissen unterstützt, in denen das Kokongewicht von den neugemachten Phänotypen durch Austausch in der Mitte der beiden eigentlichen erscheint. Das Nähere dieses Verhältnisses klarzustellen ist eine Aufgabe für die Zukunft.

### 3) 3. Chromosom

Analyse des 3. Chromosoms wurde in der Kreuzung zwischen Rasse A und Rasse T ausgeführt. Das hier aufgenommene Gen ( $Ze$ ) hat ein sehr auffallendes Merkmal, so daß es früher gefunden wurde (COUTAGNE 1902, TOYAMA 1906). Seine Genanalyse wurde von OGURA (1922) beim Kopplungsverhältnis des  $lem$  Gens berichtet. Dieses Gen ist auch berühmt durch seine geschlechtsbeschränkte Vererbung durch eine künstliche Translokation von HASHIMOTO (1948). Dieses Gen ist dominant, so wurde eine Rückkreuzung

zur Rasse T durchgeführt und zugleich die Spaltung von einigen Phänotypen außer diesem Chromosom untersucht.

Im ersten Versuch wurde die Spaltung vom 13. Chromosom gerade nach der Ausbrütung der Larve je nach den Phänotypen getrennt und in den verschiedenen Gruppen gezüchtet, weil ihre Hautfarbe bei der erwachsenen Larve nicht leicht zu unterscheiden war und zwar kommt es auch vor, daß man beide nicht auseinanderhalten kann, und andererseits wurden die anderen Eigenschaften am Ende der Larven bzw. bei der Abwägung des Kokongewichts getrennt. Ergebnisse der Varianzanalyse zeigen einen signifikanten Unterschied in der Richtung  $Ze > +^{ze}$  im Puppengewicht auf dem Niveau 0.01, und es ist beim Kokonschichtgewicht noch nicht gewiß, aber es ist beinahe ein Unterschied festzustellen. Außerdem gibt es einen Unterschied bei der hauptsächlichlichen Wirkung vom 13. Chromosom in der

TABELLE 2-3-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse A und Rasse T

(1970, Herbst,  $F_1\text{♀} \times T\text{♂}$ , 2 Replikationen)

Phänotypen	Versuch 1				Versuch 2			
	♀		♂		♀		♂	
	PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
+ Y Ze +	114.4	15.4	83.6	14.3	113.2	14.4	82.2	13.6
+ Y Ze $w_2$	114.0	15.3	83.3	14.5	121.7	15.8	82.7	13.6
+ Y + +	117.2	16.1	79.6	13.4	113.9	15.6	81.5	13.5
+ Y + $w_2$	113.9	15.5	81.9	14.2	119.1	15.3	85.3	13.7
+ + Ze +	109.6	14.7	75.9	13.0	116.4	15.0	78.0	12.4
+ + Ze $w_2$	109.5	14.6	77.9	13.3	118.6	15.5	83.8	13.4
+ + + +	107.1	14.9	81.6	13.9	116.1	15.5	82.3	13.1
+ + + $w_2$	98.3	13.0	79.2	14.0	114.2	14.5	86.2	13.8
ch Y Ze +	114.9	15.9	80.7	13.3	108.9	13.9	80.5	12.6
ch Y Ze $w_2$	111.4	15.0	82.1	13.9	109.3	13.8	78.0	12.1
ch Y + +	112.7	15.8	80.1	13.7	111.7	14.8	81.4	13.1
ch Y + $w_2$	111.2	15.3	84.5	14.9	105.7	13.6	77.5	12.2
ch + Ze +	112.4	15.5	78.6	13.6	103.0	13.1	76.3	12.3
ch + Ze $w_2$	112.1	15.2	80.6	14.5	106.0	13.3	78.9	12.6
ch + + +	114.4	16.7	78.5	14.0	102.3	13.7	78.5	13.0
ch + + $w_2$	109.6	15.6	82.9	14.9	101.2	12.7	73.3	11.7

abgewogene Zahl: 10-30

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

Richtung +<sup>ch</sup>>ch, aber alle Wechselwirkungen zeigen keine Unterschiede, wie man auf einen Blick aus Tabelle 2-3-2 ersehen kann. Komponenten der Blöcke bestehen aus der Wirkung von Geschlecht bzw. Replikation, so ist ihre Wirkung sehr signifikant, aber ihre Analyse ist dabei sinnlos. Ergebnisse des zweiten Versuchs wurden mit den hauptsächlichen Wirkungen vom ersten Versuch auf Tabelle 2-3-3 zusammengefasst. Der Unterschied zwischen Ze und +<sup>ze</sup> ist im Kokonschichtgewicht auf dem Niveau 0.05 signifikant, obgleich der F-Wert im Puppengewicht eine fallende Tendenz zeigt und sein Satz nicht immer gewiß ist. Mit diesen Ergebnissen dürfte die allgemeine Richtung der Wirkung vom Ze Gen oder dem 3.

TABELLE 2-3-2. Varianzanalyse in der Rückkreuzung zwischen Rasse A und Rasse T

(1970, Herbst)

Komponenten der Variation	Freiheitgrade	F (PG)	F (KG)
Blöcke	3	293.37**	25.70**
A	1	0.04	0.16
B	1	0.22	1.03
C	1	8.13**	3.20
D	1	9.59**	4.06*
AB	1	1.18	2.25
AC	1	0.01	3.03
AD	1	0.69	0.62
BC	1	0.06	0.00
BD	1	0.00	0.40
CD	1	0.11	1.71
ABC	1	0.81	0.79
ABD	1	0.01	0.03
ACD	1	0.68	0.22
BCD	1	0.02	0.03
ABCD	1	0.05	0.01
Fehler	45		
Gesamt	63		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " " (P<0.05)

A: hauptsächliche Wirkung A (13. Chromosom, + -ch)  
 B: " " B ( 2. " , Y - + )  
 C: " " C ( 3. " , Ze - + )  
 D: " " D (10. " , + -w<sub>2</sub>)

TABELLE 2-3-3. F-Wert der hauptsächlichen Wirkung  
in der Kreuzung Rasse A und Rasse T

(1970-1971)

	2(Y)	3(Ze)	10(w <sub>2</sub> )	13(ch)	
Versuch 1	FG=63				
1970 Herbst					
PG	0.02	8.13**	0.04	9.59**	Ze>+, +>ch
KG	1.03	3.20	0.16	4.06*	+>ch
Versuch 2	FG=15				
1971 Frühling					
PG	0.43	3.26	9.67*	—	w <sub>2</sub> >+
KG	1.72	8.63	1.13	—	Ze >+

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " " (P<0.05)

Chromosom wohl genügend klar herausgestellt worden sein. In diesem Versuch wurde ein bestimmter Kreuzungstypus, der ein Bruchstück des Chromosoms nicht austauschen soll, verglichen, also gibt es keine Nachricht, ob seine Wirkung aus dem direkten Einfluß vom *Ze* Gen stammt oder nicht. Auf jeden Fall konnte die Existenz von der Wirkung auf diesem Chromosom angenommen werden.

DOIRA (1973) fand ein Kopplungsverhältnis zwischen dem *flc* und dem *Ze* Gen durch Genanalyse. Dieses Gen (*flc*) zeigt ein sehr leichtes Kokonschichtgewicht sowie normales Puppengewicht und hat eine Eigentümlichkeit, das Seidenprodukt zum Grad 1/3 niederzudrücken. In meinem Versuch könnte das sich dem Zustand des Kokons nicht direkt auf diesen Gen beziehen, aber was diese Ursache angeht, so konnte eine eindeutige Antwort nicht gefunden werden.

#### 4) 4. Chromosom

Das *L* Gen auf dem 4. Chromosom hat eine eigentümliche Wirkung, auf der Rückseite einige Paare brauner Punkte zu zeigen und der Grad der Offenbarung ist je nach den Individuen in der Größe bzw. Zahl verschieden. Dieses Gen wurde von TOYAMA (1912) berichtet und seine Genanalyse wurde im Kopplungsverhältnis mit *sk* Gen von TANAKA und MATSUNO (1927) durchgeführt. Rasse L, die dieses Gen hat, wurde mit der Rasse S bzw. Rasse T gekreuzt. Zugleich wurde die Spaltung der verschiedenen Phänotypen analysiert.

Diese Daten sind auf Tabelle 2-4-1 gezeigt und die Ergebnisse der

TABELLE 2-4-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse L und Rasse S bzw. Rasse T

(1967, Herbst)

Phänotypen		<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>
Versuch 1 S♀ × F <sub>1</sub> ♂					
<i>p</i> <sup>S</sup> L	♀	30	97.5 ± 1.43	12.9 ± 0.30	0.56
<i>p</i> <sup>S</sup> L	♂	30	70.6 ± 2.14	11.6 ± 0.36	0.71
<i>p</i> <sup>S</sup> +	♀	17	99.9 ± 2.23	13.3 ± 0.34	0.77
<i>p</i> <sup>S</sup> +	♂	16	72.8 ± 2.14	11.8 ± 0.50	0.36
+ L	♀	21	102.3 ± 2.65	13.6 ± 0.46	0.75
+ L	♂	26	74.1 ± 2.12	12.6 ± 0.42	0.85
+ +	♀	10	104.0 ± 4.67	14.1 ± 0.80	0.94
+ +	♂	10	75.8 ± 1.22	13.0 ± 0.26	0.85
Versuch 2 T♀ × F <sub>1</sub> ♂					
L +	♀	14	85.1 ± 1.57	11.6 ± 0.34	0.63
L +	♂	20	61.9 ± 0.98	11.2 ± 0.22	0.70
L <i>w</i> <sub>2</sub>	♀	21	84.0 ± 2.03	11.3 ± 0.41	0.93
L <i>w</i> <sub>2</sub>	♂	15	60.4 ± 1.20	10.9 ± 0.38	0.64
+ +	♀	12	87.3 ± 2.96	12.5 ± 0.44	0.85
+ +	♂	12	64.3 ± 1.77	11.4 ± 0.47	0.90
+ <i>w</i> <sub>2</sub>	♀	14	83.1 ± 2.41	11.4 ± 0.45	0.81
+ <i>w</i> <sub>2</sub>	♂	14	61.4 ± 0.92	10.7 ± 0.27	0.76
Versuch 3 T♀ × F <sub>1</sub> ♂					
+ L +	♀	11	90.1 ± 2.26	13.4 ± 0.49	0.72
+ L +	♂	21	63.1 ± 1.17	11.5 ± 0.33	0.74
+ L <i>w</i> <sub>2</sub>	♀	12	88.0 ± 2.48	12.5 ± 0.74	0.88
+ L <i>w</i> <sub>2</sub>	♂	10	62.8 ± 2.68	10.6 ± 0.57	0.95
+ + +	♀	12	90.3 ± 4.36	13.0 ± 0.87	0.85
+ + +	♂	13	63.1 ± 1.56	12.1 ± 0.47	0.86
+ + <i>w</i> <sub>2</sub>	♀	12	85.2 ± 2.43	12.7 ± 0.50	0.79
+ + <i>w</i> <sub>2</sub>	♂	11	63.1 ± 1.65	11.4 ± 0.61	0.61
<i>ch</i> L +	♀	14	98.5 ± 3.59	14.3 ± 0.71	0.86
<i>ch</i> L +	♂	10	68.6 ± 1.48	12.2 ± 0.26	0.92
<i>ch</i> L <i>w</i> <sub>2</sub>	♀	10	103.2 ± 2.23	14.2 ± 0.61	0.35
<i>ch</i> L <i>w</i> <sub>2</sub>	♂	10	69.9 ± 1.95	13.3 ± 0.60	0.96
<i>ch</i> + +	♀	10	94.8 ± 5.26	14.8 ± 1.17	0.99
<i>ch</i> + +	♂	12	66.8 ± 2.63	12.4 ± 0.75	0.90
<i>ch</i> + <i>w</i> <sub>2</sub>	♀	10	86.1 ± 5.60	12.5 ± 1.21	0.99
<i>ch</i> + <i>w</i> <sub>2</sub>	♂	10	63.2 ± 5.08	11.0 ± 1.77	0.72

*n*: abgewogene Zahl  
PG: Puppengewicht in cg  
KG: Kokonschichtgewicht in cg

SF: Standardfehler  
*r*: Korrelationskoeffizient

TABELLE 2-4-2. F-Wert der hauptsächlichen Wirkung  
in der Kreuzung Rasse L und Rasse S bzw. Rasse T  
(1967, Herbst)

		2 ( $p^S$ )	4 ( $L$ )	10 ( $w_2$ )	13 ( $ch$ )	
Versuch 1	FG = 7					
	S♀ × F <sub>1</sub> ♂					
	PG	121.85**	32.88**	—	—	+> $p^S$ , +> $L$
	KG	69.85**	11.48**	—	—	+> $p^S$ , +> $L$
Versuch 2	FG = 7					
	T♀ × F <sub>1</sub> ♂					
	PG	—	8.17	34.81**	—	+> $w_2$
	KG	—	2.27	13.09*	—	+> $w_2$
Versuch 3	FG = 15					
	T♀ × F <sub>1</sub> ♂					
	PG	—	9.38*	1.79	19.36**	$L > +$ , $ch > +$
	KG	—	1.80	12.32**	22.91**	+> $w_2$ , $ch > +$

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

Varianzanalyse sind auf Tabelle 2-4-2 tabellarisch. Die hauptsächliche Wirkung bezüglich der Spaltung des  $L$  Gens ist öfter signifikant. Aus dem Mangel der Daten sind die Unterschiede zwischen Phänotypen noch nicht gewiß, aber die Kreuzung zwischen Rasse L und Rasse S bei den beiden hauptsächlichen Wirkungen zeigt einen ziemlichen Unterschied. Andererseits ist die Kreuzung zwischen Rasse L und Rasse T außer der Wirkung vom 4. Chromosom signifikant. Diese Tatsache dürfte auf dem Unterschied der Verteilung des quantitativen Gens auf diesem Chromosom in den verschiedenen Rassen beruhen.

### 5) 7. Chromosom

Aus diesem Chromosom wurde das  $q$  Gen als Merkmal aufgenommen. Dieses Gen wurde von TOYAMA (1909 a) und TANAKA (1916) gefunden und HASHIMOTO (1934) berichtete sein Kopplungsverhältnis mit dem  $obt$  Gen, so wurde seine Lage auf dem 7. Chromosom festgestellt. Die Rasse E, die auf diesem Chromosom dieses Gen hat, wurde mit der Rasse T gekreuzt, um die Wirkung zwischen beiden Phänotypen  $q$  und  $+^q$  zu vergleichen. Dieses Gen ist rezessiv, so verschwindet der Phänotypus  $q$  einmal im F<sub>1</sub>-Bastard, dann erscheint er wieder in der nächsten Generation nämlich F<sub>2</sub> oder Rückkreuzung.

Wie man aus Tabelle 2-1-6 bis Tabelle 2-1-8 ersehen kann, zeigt sich kein Unterschied des Kokongewichts in der Spaltung zwischen  $q$  und  $+^q$  Phänotypen, während die Wirkung des Geschlechtschromosoms bzw. des  $e$  Gens von derselben Rasse E besonders ausgezeichnet ist. In diesem Kreuzungstypus soll die Wirkung von Genotypen  $q/q$  und  $+^q/q$  erscheinen und die beiden normalen Phänotypen  $+^q/q$  und  $+^q/+^q$  können hier mit bloßem Auge nicht mehr unterscheidbar sein. Auf diese Weise im Fall, in dem das Gen der geprüften Rasse für das auf der Normalen rezessiv ist, kann man die Wirkung zwischen  $+^q/q$  und  $+^q/+^q$  nicht direkt schätzen. Das könnte aus Größe des Wertes von Varianz sowie aus dem Typus der Frequenzkurve in der großen Population vermutet werden, wenn seine Wirkung bis zu einem gewissen Grad klar wäre. Jedenfalls dürfte dieses Chromosom mit dem Kokongewicht aus den F-Wert nicht eng aufeinander bezogen sein.

#### 6) 10. Chromosom

Auf diesem Chromosom liegen einige Gene bezüglich der Eierfarbe bzw. Augenfarbe. Diese Eigenschaften beruhen auf Pleiotropie und jedes Gen bezieht sich zugleich auf den Ausdruck einiger Eigenschaften. In diesem Versuch wurde das  $w_2$  Gen, das rezessiv ist und die weißen Eier sowie weiße Augen des Schmetterlings zeigt, hauptsächlich auf die quantitative Analyse angewandt. Sonst wurde das  $w_1$  Gen, das die mütterliche Vererbung zeigt, auch gebraucht, aber seine Spaltung des Phänotypus ist etwas kompliziert und da das nicht zweckmäßig für dieselbe Prüfung ist, wurden die Daten zum größten Teil ausgelassen. Nach der mittleren Periode der Puppe fängt die Augenfärbung an, so ist die Spaltung der Phänotypen danach ausführbar. Es scheint, daß beide Phänotypen ( $w_2$  und  $+^{w_2}$ ) dadurch im Gegensatz zum Fall vom 13. Chromosom, bei dem jeder Phänotypus gerade nach der Ausbrütung getrennt gezüchtet wird, gleichmäßig in den Zuchtbedingungen beeinflußt werden. Diese Gene wurden von SUZUKI (1939, 1943) untersucht, und ihr Kopplungsverhältnis mit dem  $w_3$  Gen wurde dabei festgestellt. Wie bereits erwähnt, hat die Prüfungsrasse T einige rezessive Gene und der Phänotypus von der Spaltung dieses  $w_2$  Gens ist so leicht wie die Gene auf dem 2. bzw. 13. Chromosom zu unterscheiden, so gibt es viele Kreuzungskombinationen bezüglich der Rasse T.

Ergebnisse der statistischen Analyse von diesem Verhältnis wurden auf Tabelle 2-6-1 zusammengefasst. In diesen Versuchen wurde jeder  $F_1$ -Bastard mit der Rasse T rückgekreuzt. In der Kreuzung zwischen Rasse L und Rasse T zeigt die Wirkung von diesem Gem beim ersten Versuch im Puppengewicht sowie im Kokonschichtgewicht hochgradig signifikante

TABELLE 2-6-1. Spaltungen der Phänotypen bezüglich dem  $w_2$  Gen und ihr F-Wert durch Varianzanalyse

Kreuzungstypus		F (PG)	F (KG)	
1.	Rasse L × Rasse T 1967 Herbst			
	Versuch 1 FG=7	34.81**	13.09*	+ > $w_2$
	Versuch 2 FG=15	1.79	12.32**	+ > $w_2$
2.	Rasse K × Rasse T 1970 Sommer			
	Versuch 1 FG=63	0.01	0.15	
	Versuch 2 FG=63	0.02	0.40	
3.	Rasse S × Rasse T 1970 Sommer			
	Versuch 1 FG=15	0.04	0.22	
	Versuch 2 FG=63	2.47	0.54	
	1970 Herbst			
	Versuch 1 FG=31	0.02	1.07	
	Versuch 2 FG=63	1.72	2.74	
4.	Rasse A × Rasse T			
	1970 Herbst FG=63	0.04	0.16	
	1971 Frühling FG=15	9.67*	1.13	$w_2 > +$
5.	Rasse O × Rasse T 1971 Herbst			
	Versuch 1 FG=23	1.19	0.01	
	Versuch 2 FG=23	0.00	0.32	
	Versuch 3 FG=23	5.66*	0.05	$w_2 > +$
6.	Rasse U × Rasse T			
	1973 Frühling FG=63	18.62**	13.99**	$w_2 > +$

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )\* " " ( $P < 0.05$ )

Unterschiede in der Richtung  $+w_2 > w_2$ , und zwar läßt sich ein gleichartiges Ergebnis beim zweiten Versuch beobachten, während der F-Wert des Puppen-gewichts nicht im geringsten einen Unterschied ergibt. Dieses Verhältnis wurde bei den Kreuzungen mit Rasse A, O und U öfters umgekehrt beobachtet, und im Fall von Rasse S sowie Rasse K zeigt das jedenfalls keinen Unterschied. Es ist sehr interessant, daß die Wirkung eines Faktors je nach den Rassen in entgegengesetzter Richtung erscheint. Diese Tatsache könnte eine Nachricht von der Verteilung oder der Kombination des quantitativen Gens auf diesem Chromosom geben. Eigentlich ist die Erscheinung von Heterosis beim Kokongewicht von Seideneraupen in der  $F_1$ -Generation äußerst stark ausgedrückt, so übertreffen die Heterozygoten immer an ihr Kokongewicht die Homozygoten, aber diese Erscheinung ist in der Rück-

kreuzungsgeneration sehr zurückgegangen. Obgleich das Kokongewicht der Rasse T nicht so schwer ist, zeigt es Fälle, in denen die Homozygoten ( $w_2/w_2$ ) öfters die Heterozygoten ( $+w_2/w_2$ ) übertreffen. Also könnte angenommen werden, daß einige Paare Gene bezüglich dem Kokongewicht auf diesem Chromosom bestehen und ihr Vermögen je nach den Kreuzungskombinationen ziemlich verschieden ist. In der Kreuzung zwischen Rasse K und Rasse T wurde der Unterschied der beiden Genotypen nämlich  $w_2/w_2$  und  $w_1/w_2$  verglichen. TAKEI und NAGASHIMA (1965) untersuchten, was für ein Faktor sich direkt auf das Kokongewicht bei der mütterlichen Vererbung des  $w_1$  Gens bezieht, weil die gleichartige Zusammensetzung des Genotypus dabei öfters die beiden verschiedenen Phänotypen hat. Das Ergebnis der quantitativen Analyse zeigt, daß sich das Kokongewicht nicht auf das Gen von der Eierfarbe, sondern direkt auf den Phänotypus bezieht, so könnte der physiologische Faktor in bezug auf die Eierfärbung den quantitativen Charakter wie das Kokongewicht beeinflussen. Sie berichteten später auch einen Einfluß auf das Eierlegen (1967). Im Versuch vom Autor ist der Unterschied zwischen beiden Phänotypen nicht klar wie ersichtlich aus der Tabelle, so könnte es viele verschiedene Fälle geben. Dieselben Beziehungen versinnbildlichen die Schwierigkeiten der quantitativen Vererbung auf diesem Chromosom.

#### 7) 11. Chromosom

Aus diesem Chromosom wurde das K Gen aufgenommen, das die merkwürdige Eigenschaft hat, daß die Wirkung von diesem Gen auf der Rückseite der Larve drei Paare von Geschwülsten nämlich auf den 2., 5. und 8. Segment ausdrücken läßt. Dieses Gen wurde zum ersten Mal von TOYAMA (1912) und weiter von TANAKA (1916) berichtet und seine Genanalyse wurde von ARUGA (1939) im Kopplungsverhältnis mit dem *Bu* Gen ins klare gesetzt. Dieses Gen ist auch wegen seinem Einfluß auf den Ausdruck des Kokongewichts bekannt, so gibt es einige Berichte bezüglich diesem Problem (HIROBE 1951, YOSHITAKE und WATANABE 1960, TANAKA 1965, 1966, TANAKA, YOKOYAMA und MOCHIZUKI 1973). Der Autor versuchte die Kreuzung Rasse U, bei der das K Gen auf diesem Chromosom liegt, und Rasse T, um dieses oben erwähnte Verhältnis klarzumachen, und zugleich wurden einige Spaltungen des Phänotypus von anderen Chromosomen untersucht. In diesem Versuch wurden die hauptsächlichsten Wirkungen der verschiedenen Phänotypen vom 2., 10. und 14. Chromosom analysiert, und die Wirkung vom 10. Chromosom ( $w_2$ ) wurde im vorhergehenden Paragraph erwähnt.

Kreuzungsversuche fanden zweimal im Jahre 1972 und 1973 statt, und

TABELLE 2-7-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse U und Rasse T

(1972, Herbst, 4 Replikationen)

Phänotypen	Versuch 1		Versuch 2		Versuch 3		Versuch 4	
	PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
<i>U</i> + <i>K</i> ♀	101.0	13.7	92.1	13.6	104.6	15.0	91.0	13.1
<i>U</i> + <i>K</i> ♂	83.1	13.7	88.2	14.6	86.7	14.8	72.3	12.4
<i>U</i> + + ♀	97.9	13.9	89.7	12.7	101.4	14.4	92.0	13.3
<i>U</i> + + ♂	79.9	13.5	85.1	14.7	79.0	13.5	67.1	11.7
<i>U</i> <i>p</i> <i>K</i> ♀	96.6	12.5	101.8	15.0	102.7	14.8	92.3	13.4
<i>U</i> <i>p</i> <i>K</i> ♂	79.1	13.1	92.1	15.5	85.3	14.6	73.5	12.4
<i>U</i> <i>p</i> + ♀	100.1	13.6	92.9	13.7	91.8	13.5	90.1	13.5
<i>U</i> <i>p</i> + ♂	74.8	12.3	88.9	15.9	76.4	13.7	69.8	12.4
+ + <i>K</i> ♀	102.6	15.2	96.1	13.9	90.7	12.5	76.0	10.0
+ + <i>K</i> ♂	85.3	14.8	85.8	14.3	77.3	13.3	66.5	11.0
+ + + ♀	104.0	15.2	95.0	14.2	87.6	11.8	89.6	12.8
+ + + ♂	75.0	13.5	85.5	15.0	69.5	12.1	67.7	11.3
+ <i>p</i> <i>K</i> ♀	107.4	16.2	95.1	14.5	104.8	15.1	91.2	13.5
+ <i>p</i> <i>K</i> ♂	86.0	15.3	88.0	14.9	86.9	14.9	72.5	12.5
+ <i>p</i> + ♀	108.7	15.8	92.5	13.4	96.5	13.7	87.5	12.6
+ <i>p</i> + ♂	85.3	14.7	84.3	14.0	82.6	13.8	65.3	12.2

abgewogene Zahl: 10-30

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

sie hatten 4 Replikationen je nach den Versuchen. Ergebnisse der Varianzanalyse wurden auf Tabelle 2-7-5 zusammengefasst. Im ersten Versuch wurde die Wirkung vom  $w_2$  Gen ausgelassen und dafür wurde hier der Unterschied zwischen Geschlechtern geschätzt. Andererseits wurde die Wirkung von Geschlechtern im zweiten Versuch in Blöcke eingeschlossen und die Wirkung vom  $w_2$  Gen ließ sich vollständig schätzen. Im ersten Versuch ist die Wirkung A im Puppengewicht signifikant auf dem Niveau 0.05 und die Wirkung B ist im Kokonschichtgewicht ebenso signifikant. Das zeigt, daß der Unterschied zwischen *K* und +<sup>*K*</sup> in der Richtung  $K > +^K$  signifikant ist und diese Tendenz im folgenden Versuch immer stärker wird. Dagegen

TABELLE 2-7-2. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse U und Rasse T  
(1973, Frühling, 2 Replikationen)

Phänotypen	Versuch 1				Versuch 2			
	Weibchen		Männchen		Weibchen		Männchen	
	PG	KG	PG	KG	PG	KG	PG	KG
<i>U</i> + <i>K</i> +	119.6	18.5	90.5	17.4	120.2	19.6	88.3	18.1
<i>U</i> + <i>K</i> $w_2$	127.7	19.8	94.0	18.2	131.2	21.7	96.1	19.6
<i>U</i> + + +	124.9	18.7	92.4	18.1	141.9	22.6	106.3	20.9
<i>U</i> + + $w_2$	130.8	19.8	96.6	19.0	139.9	21.6	108.8	20.6
<i>U</i> <i>p</i> <i>K</i> +	121.3	19.4	93.1	17.7	128.0	20.1	94.7	19.2
<i>U</i> <i>p</i> <i>K</i> $w_2$	121.1	18.9	95.3	19.3	128.2	20.2	99.4	20.1
<i>U</i> <i>p</i> + +	124.5	19.5	91.6	17.1	124.3	20.1	100.3	19.8
<i>U</i> <i>p</i> + $w_2$	131.5	19.9	95.2	18.6	136.6	21.7	105.1	20.9
+ + <i>K</i> +	120.6	18.7	91.0	17.8	129.3	19.9	95.9	18.6
+ + <i>K</i> $w_2$	123.2	19.6	94.7	19.1	127.7	18.9	94.4	18.6
+ + + +	126.4	19.7	95.3	18.9	135.9	21.0	97.8	19.8
+ + + $w_2$	136.6	21.3	101.4	18.6	139.3	22.1	104.4	20.9
+ <i>p</i> <i>K</i> +	120.6	19.3	94.1	18.4	126.0	20.4	97.4	19.1
+ <i>p</i> <i>K</i> $w_2$	123.9	19.3	91.9	18.2	128.6	19.8	94.8	20.0
+ <i>p</i> + +	136.3	20.8	97.4	18.2	136.5	21.8	101.9	19.7
+ <i>p</i> + $w_2$	129.9	19.7	95.9	19.1	142.5	21.9	105.2	21.1

abgewogene Zahl: 10-30

PG: Puppengewicht in cg

KG: Kokonschichtgewicht in cg

ist die Wirkung von *p* Allel schwer zu unterscheiden wie im Fall vom Kreuzungsversuch zwischen Rasse K und T. Der Unterschied zwischen Geschlechtern im Puppengewicht ist sehr groß, aber er ist im Kokonschichtgewicht sehr klein geworden und der diese Wirkung entscheidend beeinflussende Grund ist nämlich die geschlechtsgebundene Vererbung.

HIROBE (1951) berichtete den auffallenden Effekt von Heterosis des quantitativen Charakters durch das *K* und *mp* Gen. YOSHITAKE und WATANABE (1960) untersuchten den Effekt einiger einzelner Gene auf das Kokongewicht und ihre Ergebnisse zeigten eine Gültigkeit vom *K* Gen, aber das läßt sich auf den Ausdruck des Kokongewichts nicht direkt beziehen.

TABELLE 2-7-3. Varianzanalyse der Daten von Tabelle 2-7-1  
(1972, Herbst, 4 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F (PG)	F (KG)
Blöcke	3	19.46**	12.47**
A	1	5.69*	2.05
B	1	3.34	4.58*
C	1	0.52	0.00
D	1	149.65**	0.20
AB	1	0.66	0.75
AC	1	0.50	0.00
AD	1	1.06	0.23
BC	1	3.86	3.32
BD	1	0.01	0.03
CD	1	0.01	0.05
ABC	1	0.07	0.98
ABD	1	0.69	0.52
ACD	1	0.17	0.07
BCD	1	0.01	0.13
ABCD	1	0.13	0.20
Fehler	45		
Gesamt	63		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " " ( $P < 0.05$ )

TANAKA (1965, 1966) versuchte eine bestimmte Beziehung zwischen der Größe der Geschwulst und dem Kokongewicht zu finden. Das Ergebnis seiner Analyse zeigt, daß Homozygoten  $K/K$  an ihr Kokongewicht Heterozygoten  $K/+^K$  übertreffen. TANAKA, YOKOYAMA und MOCHIZUKI (1973) berichteten die Wechselwirkung zwischen dem  $K$  und  $p^s$  Gen. Dadurch ist es klar geworden, daß das  $K$  Gen ein Vermögen die Seidenproduktivität zu vergrößern hat und sich auf die Zahl der Zelle von Seidendrüssen gar nicht bezieht, und daß das  $p^s$  Gen andererseits das Wachstum der Geschwulst sowie das Kokongewicht niederhält. Mit denselben Tatsachen stimmen die Ergebnisse bezüglich der Wirkung vom  $K$  Gen bzw. diesem Chromosom größtenteils überein, und es ist gewiß wie daraus ersichtlich, daß einige quantitative Gene bezüglich dem Ausdruck des Kokongewichts auf diesem Chromosom verteilt sind. Einzelheiten zu diesem Problem lassen sich

TABELLE 2-7-4. Varianzanalyse der Daten von Tabelle 2-7-2 (1973, Frühling, 4 Replikationen)

Komponenten der Variation	Freiheitsgrade	F (PG)	F (KG)
Blöcke	3	589.86**	40.40**
A	1	18.62**	13.99**
B	1	85.50**	34.15**
C	1	0.16	0.10
D	1	2.25	0.49
AB	1	0.96	0.04
AC	1	1.79	0.34
AD	1	3.06	1.86
BC	1	2.32	3.07
BD	1	1.14	2.31
CD	1	1.26	0.95
ABC	1	0.51	1.55
ABD	1	0.81	1.37
ACD	1	0.68	0.49
BCD	1	4.69*	0.22
ABCD	1	6.46*	2.81
Fehler	45		
Gesamt	63		

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " " (P<0.05)

TABELLE 2-7-5. F-Wert der hauptsächlichen Wirkung in der Kreuzung Rasse U und Rasse T

(1972-1973)

	2 (p)	10 (w <sub>2</sub> )	11 (K)	14 (U)	Geschlecht
1972 Herbst	FG=63				
PG	3.34	—	5.69*	0.52	149.65** K>+, ♀>♂
KG	4.58*	—	2.05	0.00	0.20 p>+
1973 Frühling	FG=63				
PG	0.16	18.62**	85.50**	2.25	— w <sub>2</sub> >+, K>+
KG	0.10	13.99**	34.15**	0.49	— w <sub>2</sub> >+, K>+

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P<0.01)

\* " " (P<0.05)

künftig im Kopplungsverhältnis zwischen Phänotypen auf diesem Chromosom ermitteln.

### 8) 13. Chromosom

Das *ch* Gen auf diesem Chromosom wurde von TOYAMA (1906 b) gefunden, und sein Kopplungsverhältnis wurde von SUZUKI (1942) durch den Austausch mit dem *cf* Gen festgestellt. Sein Merkmal zeigt eine Schokoladenfärbung der Larvenhaut gerade nach der Ausbrütung, wie Rasse T, und das ist rezessiv für Schwarzfärbung bei den Normalen. Also ist das bei der gewachsenen Larve öfters nicht leicht zu unterscheiden, und weiter kommt es vor, daß man beide im Fall von *p* Phänotypus nicht auseinanderhalten kann, während der *p<sup>s</sup>* Phänotypus sich leicht in verschiedene Gruppen einteilen läßt, so müssen beide meistens getrennt gezüchtet werden, wenn es nötig ist. Es ist zu befürchten, daß solch ein Vorgehen natürlich den Ausdruck des Kokongewichts beeinflußt und die quantitativen Unterschiede zwischen Phänotypen dadurch sehr groß oder klein werden. Das steht im Gegensatz zum Fall von dem *w<sub>2</sub>* Gen.

Das Ergebnis der Untersuchung wurde auf Tabelle 2-8-1 gezeigt und

TABELLE 2-8-1. Spaltungen der Phänotypen bezüglich dem *ch* Gen und ihr F-Wert durch Varianzanalyse

Kreuzungstypus		F (PG)	F (KG)	
1. Rasse L × Rasse T				
1967 Herbst	FG = 15	19.36**	22.91**	<i>ch</i> > +
2. Rasse K × Rasse T				
1970 Sommer				
Versuch 1	FG = 63	0.63	1.61	
Versuch 2	FG = 63	0.46	4.27*	<i>ch</i> > +
3. Rasse S × Rasse T				
1970 Sommer				
Versuch 1	FG = 15	2.38	7.44*	<i>ch</i> > +
Versuch 2	FG = 63	1.20	0.49	
1970 Herbst				
Versuch 1	FG = 31	26.39**	4.76*	+ > <i>ch</i>
Versuch 2	FG = 63	37.18**	51.62**	+ > <i>ch</i>
4. Rasse A × Rasse T				
1970 Herbst	FG = 63	9.59**	4.06*	+ > <i>ch</i>

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P < 0.01)

\* " " (P < 0.05)

im Fall von der Kreuzung zwischen Rasse L und Rasse T sind beide F-Werte hochgradig signifikant in der Richtung  $ch > +^{ch}$ , dagegen zeigt sich das Ergebnis der Kreuzung zwischen Rasse A und Rasse T umgekehrt nämlich der normale Phänotypus ist vor allem durch sein Puppengewicht hervorragend. Zwischen Sommer und Herbst besteht ein erheblicher Unterschied bezüglich den Ergebnissen der Varianzanalyse in der Kreuzung zwischen Rasse S und Rasse T. Die hauptsächliche Wirkung von beiden Phänotypen  $ch$  und  $+^{ch}$  ist im Sommer außer der teilweisen Ausnahme nicht leicht zu unterscheiden, aber sie zeigt im Herbst einen erheblichen Unterschied in der Richtung  $+^{ch} > ch$ . Andererseits wurden dieselben beiden Phänotypen, die am Ende der Larve nur beim  $p^s$  Phänotypus getrennt wurden und in den gleichmäßigen Zuchtbedingungen zusammen gezüchtet wurden, in dieser Kreuzungskombination verglichen, aber es hat in diesem Fall keinen Unterschied gegeben. Also könnte die Wechselwirkung zwischen Phänotypen und Jahreszeiten für die Zucht der Seidenraupen auf das Kokongewicht einen Einfluß ausüben. Es ist natürlich nicht möglich, alle damit in Verbindung stehenden Phänomene zu erklären. Auf jeden Fall kann man diesen auf die Zuchtbedingungen beziehenden Einfluß nicht gänzlich ausschalten.

#### 9) 14. Chromosom

Das  $U$  Gen, das auf diesem Chromosom liegt, wurde von HASHIMOTO (1941) berichtet und sein Kopplungsverhältnis wurde mit dem  $oak$  Gen zugleich untersucht. Dieses Gen wurde in den relativ letzten Jahren nicht im Laboratorium, sondern im Bauernhof während der Zucht bei den praktischen Rassen gefunden, denn sein Phänotypus ist sehr merkwürdig und dominant gegen den Normalen. Es ist auch bekannt, daß der Ausdruck von diesem Gen von den Beständen von  $p$  Allel mehr oder weniger beeinflußt wird. In diesem Versuch wurden einige hauptsächliche Wirkungen zusammen analysiert wie bei der Analyse von dem  $K$  Gen gezeigt wurde.

Ergebnisse der Analyse von diesem Gen wurden auf Tabelle 2-7-1 bis Tabelle 2-7-5 gezeigt. Im ersten Versuch zeigt die Wirkung C den Unterschied des Kokongewichts zwischen beiden Phänotypen  $U$  und  $+^U$ , und sie sind schwer voneinander abzuheben. Die gleichartigen Ergebnisse wurden auch im zweiten Versuch gezeigt nämlich es hat keinen Unterschied zwischen beiden Phänotypen ergeben. Dagegen zeigt die Wechselwirkung zwischen  $p$  und  $U$  Allel ziemlich relativ den großen Wert, während sie noch nicht signifikant auf dem Niveau 0.05 ist, und das würde sich auf die oben erwähnte Färbung der Larvenhaut von  $p$  und  $U$  Allel beziehen, obgleich jede einzelne Wirkung von diesen Allelen keinen gesicherten Unterschied

ergibt. Im zweiten Versuch wurde eine merkwürdige Erscheinung im Puppengewicht beobachtet, nämlich eine Wechselwirkung von drei oder vier Faktoren auf dem Niveau 0.05 wurde signifikant ermittelt. Das scheint ein wichtiges Element zu sein für die Erklärung von Wechselwirkung beider Allelen ( $p$  und  $U$ ) sowie von Epistasiswirkungen zwischen einigen quantitativen Genen. Einzelheiten von Komponenten der erblichen Varianz sind noch immer nicht zufriedenstellend erklärt worden, so scheint das ein neues Gebiet von der quantitativen Genanalyse zu eröffnen.

#### 10) 17. Chromosom

Aus diesem Chromosom wurde das *bts* Gen, das eine eigentümliche braune Färbung der Larvenhaut auf dem Kopf und auf dem letzten Segment ausdrücken läßt, aufgenommen. Dieses Gen wurde zum ersten Mal von TANAKA (1935) berichtet und sein Kopplungsverhältnis wurde im Zusammenhang mit dem *Bm* und *ow* Gen von CHIKUSHI (1960) untersucht. Dieses Gen ist rezessiv, so verschwindet sein Phänotypus in der Kreuzung mit der

TABELLE 2-10-1. Kokongewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse T und Rasse P

(1972-1973, 2 Pelikationen)

			$n$	PG $\pm$ SF	KG $\pm$ SF	$r$
Versuch 1						
1972 Herbst						
(1)	+	♀	27	97.9 $\pm$ 3.45	13.2 $\pm$ 0.63	0.92
	+	♂	27	80.3 $\pm$ 2.17	13.6 $\pm$ 0.60	0.97
	<i>bts</i>	♀	32	95.9 $\pm$ 2.67	13.2 $\pm$ 0.49	0.92
	<i>bts</i>	♂	36	78.5 $\pm$ 1.15	13.1 $\pm$ 0.27	0.83
(2)	+	♀	25	98.7 $\pm$ 1.88	14.4 $\pm$ 0.38	0.90
	+	♂	32	73.5 $\pm$ 1.10	12.7 $\pm$ 0.27	0.84
	<i>bis</i>	♀	19	95.3 $\pm$ 2.25	13.2 $\pm$ 0.46	0.92
	<i>bts</i>	♂	38	69.3 $\pm$ 1.11	11.5 $\pm$ 0.30	0.89
(3)	+	♀	33	95.1 $\pm$ 3.12	13.4 $\pm$ 0.53	0.91
	+	♂	32	75.3 $\pm$ 1.62	12.6 $\pm$ 0.41	0.92
	<i>bts</i>	♀	34	93.5 $\pm$ 2.46	13.7 $\pm$ 0.48	0.93
	<i>bts</i>	♂	24	70.5 $\pm$ 1.63	11.7 $\pm$ 0.45	0.82
(4)	+	♀	31	116.1 $\pm$ 3.50	15.6 $\pm$ 0.62	0.92
	+	♂	26	81.4 $\pm$ 1.47	13.6 $\pm$ 0.40	0.92
	<i>bts</i>	♀	27	106.6 $\pm$ 3.62	13.7 $\pm$ 0.68	0.96
	<i>bts</i>	♂	33	83.1 $\pm$ 1.05	13.2 $\pm$ 0.28	0.54

		<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>
Versuch 2					
1973 Frühling					
(1)	+ ♀	38	129.5 ± 2.30	18.3 ± 0.35	0.82
	+ ♂	30	94.7 ± 1.21	16.7 ± 0.29	0.85
	<i>bts</i> ♀	30	121.2 ± 1.81	17.2 ± 0.24	0.76
	<i>bts</i> ♂	30	90.5 ± 1.23	15.6 ± 0.18	0.83
(2)	+ ♀	30	123.7 ± 1.94	18.4 ± 0.36	0.83
	+ ♂	30	90.6 ± 1.21	16.9 ± 0.37	0.70
	<i>bts</i> ♀	30	116.4 ± 1.71	16.6 ± 0.33	0.67
	<i>bts</i> ♂	30	87.5 ± 1.06	15.7 ± 0.52	0.68

*n*: abgewogene Zahl  
 PG: Puppengewicht in cg  
 KG: Kokonschichtgewicht in cg  
 SF: Standardfehler  
*r*: Korrelationskoeffizient

TABELLE 2-10-2. F-Wert der hauptsächlichen Wirkung in der Kreuzung Rasse P und Rasse T

(1972-1973)

		17 ( <i>bts</i> )	Geschlecht	
Versuch 1	FG=15			
	PG	3.37	180.27**	♀ > ♂
	KG	4.55	9.65*	♀ > ♂
Versuch 2	FG = 7			
	PG	94.37**	2925.54**	+ > <i>bts</i> , ♀ > ♂
	KG	49.46**	57.37**	+ > <i>bts</i> , ♀ > ♂

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben (P < 0.01)

\* " " (P < 0.05)

Rasse T einmal beim F<sub>1</sub>-Bastard, dann erscheint er bei der nächsten Generation durch Rückkreuzung mit der Rasse P, die dieses Gen hat, wieder.

Ergebnisse der Rückkreuzung wurde auf Tabelle 2-10-1 gezeigt und eine Methode von Varianzanalyse wurde zur Beurteilung der zwei hauptsächlichen Wirkungen angewandt. Die hier aufgenommenen Faktoren sind der Unterschied zwischen diesen Phänotypen und dem Geschlecht, und die F-Werte von ihren hauptsächlichen Wirkungen wurden auf Table 2-10-2 zusammengefasst. Der erste Versuch wurde mit den vier Replikationen

nämlich vier Kreuzungstypen durchgeführt und der *bts* Phänotypus ist dem  $+^{bts}$  Phänotypus nachgestanden, aber der Unterschied zwischen beiden Phänotypen ist gering und nicht signifikant auf dem Niveau 0.05. Dagegen besteht ein entscheidender Unterschied zwischen beiden Phänotypen bezüglich dem Kokongewicht im nächsten Versuch in der Richtung  $+^{bts} > bts$ , während dieser Versuch nur mit zwei Replikation durchgeführt wurde. Die hauptsächliche Wirkung zwischen Geschlechtern ist auch sehr erheblich und der Wert von Weibchen ragt vor allem durch sein Puppengewicht hervor, wie aus der allgemeinen Tendenz erwartet wurde. Wechselwirkungen zwischen beiden Faktoren sind alle schwer zu unterscheiden. In diesem Versuch wurde der  $F_1$ -Bastard mit der Rasse P gekreuzt, so wurde die Erscheinung von der geschlechtsgebundenen Vererbung des Kokongewichts gar nicht beobachtet.

### Kapitel 3. Die geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts

In bezug auf die geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts hat es bereits einige Forschungen gegeben (NAGATOMO 1926, TUN 1926, SUZUKI 1947, 1952, SUZUKI und ICHIMARU 1956, 1960). Das spezielle X-Chromosom der besonderen Rasse bezieht sich auf den Ausdruck dieser Erscheinung aber seine Wirkung sollte nicht direkt das Kokongewicht, sondern die larvale Wachstumsdauer beeinflussen. Der Autor beobachtete dieselbe Erscheinung im Verlauf der Diallelen Kreuzungen in einigen Rassen, aber die Larvalperiode der betreffenden Rasse T zeigte keinen gesicherten Unterschied im Vergleich mit den anderen Rassen infolge der Varianzanalyse (TAKIZWA und NAKADA 1970). Aber es ist durch die Analyse der Nachkommenschaften klar geworden, daß das X-Chromosom von der Rasse T das Kokongewicht beeinflußt. Da es sich natürlich um die Zusammensetzung der verschiedenen Geschlechtschromosomen handelt, wurde das Verhältnis des Kokongewichts zwischen den Geschlechtern ( $\delta/\varphi$  Wert) je nach den geprüften Rassen untersucht, infolgedessen der Wert von dieser betreffenden Rasse T unverändert war, eher zeigte die Rasse C, die ein Bruchstück des 2. Chromosoms hat, einen charakteristischen Wert (NAKADA 1970 a).

Im vorliegenden Kapitel soll die spätere Forschung zu diesem Problem behandelt werden. Erstens führt diese Erscheinung eine Umkehrung des Kokongewichts mit sich, nämlich das Kokongewicht ist im allgemeinen beim Weibchen schwerer, aber es müßte wohl ein spezielles Geschlechtschromosom in einer Rasse vorhanden sein, wenn sich eine Umkehrung dieses Verhältnisses in einer der reziproken Kreuzung beim  $F_1$ -Bastard zeigt. Also wurde dieses Problem in den verschiedenen Kreuzungstypen in der Kombination

von einigen Rassen analysiert. Das kann auch durch die quantitative Spaltung bei der Rückkreuzungsgeneration bewiesen werden. Variabilität des Kokongewichts bei dieser Generation wurde bereits berichtet (NAKADA 1972), so soll hier nichts weiter unternommen werden als das Problem aufzuzeigen, aber die theoretische Erklärung, einen Versuch der Simulation mit der Hilfe von der elektronischen Rechenmaschine durchzuführen, ist notwendig. Zunächst fand ein Kreuzungsversuch mit den praktischen Rassen statt, um den Effekt dieses Chromosoms zu bestätigen. Die Beziehung zwischen Polyploidie und dieser Erscheinung wurde auch analysiert. Es gibt keinen Bericht außer der Untersuchung von KAWAGUCHI (1937) und von SATO und KAYANO (1937) in bezug auf den ökonomischen Wert der Kokongewichts von Polyploidie, denn das beruht auf der Schwierigkeit Polyploidie auszubilden. TAKIZAWA und TAMAZAWA (1968) entdeckten eine Methode, mit der die Seidenraupen von Polyploidie leicht abgeteilt werden, so ist der Kreuzung zwischen Rasse R und T verwendet worden. Zuletzt wurde der Versuch in bezug auf die Genanalyse durchgeführt. In welchem Teil des Geschlechtschromosoms liegt der Effekt? Das könnte man durch die Verwendung des Kopplungsverhältnisses mit dem *os* Gen analysieren. Durch den Austausch des Geschlechtschromosoms kommen die beiden Phänotypen bezüglich der quantitativen Spaltung beim weiblichen Kokongewicht in der Rückkreuzungsgeneration vor. Die Analyse dieser zweigipfligen Verteilung sollte die Bestimmung der Genlage bringen, auch wenn die Verdoppelung der beiden Verteilungen genügend schwer abzuschätzen wären.

Schwierigkeiten der quantitativen Analyse beruhen auf den Eigenschaften der Polygene, deren Wirkung und Verteilung auf jedem Chromosom bei den Seidenraupen noch nicht klargemacht worden sind, obgleich die Vererbung des allgemeinen quantitativen Charakters unter dem Einfluß steht (MATHER 1942, 1949). Bei dieser geschlechtsgebundenen Vererbung des Kokongewichts könnte es eher eine Hauptgenkontrolle auf einem X-Chromosom geben.

#### 1) Unterschied zwischen Geschlechtern beim F<sub>1</sub>-Bastard

Die Analyse von geschlechtsgebundener Vererbung des quantitativen Charakters beginnt mit der Klarstellung des Unterschieds zwischen den Geschlechtern. Der Wert vom Unterschied im Fall der reinen Rassen zeigt keinen besonderen Wert bei der geschlechtsgebundenen Rasse T, sondern bei der geschlechtsbeschränkten Rasse C, die auf dem Y-Chromosom ein Bruchstück des 2. Chromosoms künstlich transloziert wurde, wie im vorigen Kapitel erwähnt, so handelt es sich um die Zusammensetzung des Geschlechtschromosoms bei den Nachkommenschaften durch die Kreuzung.

Die wiederholenden Versuche des  $F_1$ -Bastards wurden alljährlich je nach den verschiedenen reziproken Kreuzungen geprüft und ihre Daten wurden als  $\delta/\varphi$  Wert gesammelt. Wenn es in einer Rasse ein spezielles X-Chromosom, das rezessiv ist und das Kokongewicht erleichtert, gibt, sind die Zusammensetzungen des Geschlechtschromosoms zwar beim Männchen der reziproken Kreuzungen gleichartig, aber beim Weibchen verschieden. Dabei kann man die Umkehrung des Kokongewichts in der einen von beiden reziproken Kreuzungen beobachten. Einzelheiten dieses Verhältnisses seien an anderem Ort behandelt (NAKADA 1970 a), aber die Sammlung der Daten wurde danach noch weiter fortgesetzt, um diese Annahme experimentell zu verifizieren.

Ergebnisse der Analyse wurden auf Tabelle 3-1-1 zusammengefasst. Die wirklichen Werte des Kokongewichts sind je nach den Versuchen ziemlich verschieden, aber jeder  $\delta/\varphi$  Wert ist verhältnismäßig stabil, wie aus dem Wert von Standardfehlern ersichtlich ist. Die bestimmten Kreuzungen, die die Rasse T als Mutter haben, haben eine Neigung, zu einem schwereren Kokongewicht als bei den reziproken Kreuzungen. Der Durchschnittswert von jedem  $\delta/\varphi$  Wert ist bei den beiden Charakteren in der Kreuzung, die die Rasse T als Vater hat, größer geworden. Besonders beim Kokonschichtgewicht sind diese Kreuzungen in vielen Fällen höher als 100 Prozent, nämlich der Unterschied zwischen Geschlechtern ist dabei umgekehrt, obgleich er beim Puppengewicht noch nicht umgekehrt ist, sondern sich nur nähert. Diese Analyse von verschiedenen reziproken Kreuzungen wurde mit dem  $t$ -Verfahren untersucht. Zum Beispiel ist ein Verg-

TABELLE 3-1-1. Ein Vergleich des  $\delta/\varphi$  Prozents in einigen reziproken Bastardsrassen

Kreuzung	$n$	PG	KG	FG	$t$ (PG)	$t$ (KG)
S × C	11	75.8 ± 0.88	92.3 ± 1.05	19	1.542	1.484
C × S	10	74.0 ± 0.75	94.4 ± 0.93			
S × K	11	74.8 ± 0.50	93.9 ± 0.93	20	1.718	1.891
K × S	11	73.5 ± 0.57	91.5 ± 0.86			
T × S	17	73.9 ± 0.69	93.9 ± 0.84	32	15.123**	7.296**
S × T	17	88.1 ± 0.69	105.1 ± 1.29			
T × K	15	73.5 ± 0.57	94.2 ± 0.79	29	14.242**	6.597**
K × T	16	87.0 ± 0.75	103.7 ± 1.18			
C × K	6	73.9 ± 1.43	92.5 ± 1.71	9	0.063	0.189
K × C	5	73.8 ± 0.24	92.1 ± 1.06			
T × C	10	76.5 ± 0.89	93.4 ± 1.00	18	10.089**	6.478**
C × T	10	92.5 ± 1.31	110.1 ± 2.38			

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

TABELLE 3-1-2. Kokongewicht in der Kreuzung  
zwischen Rasse S und Rasse C

	Versuch		n	PG ± SF	KG ± SF	♀/♂ Wert (%)	
						PG	KG
S ♀ × C ♂	1) 1965 F	♀	50	159.5 ± 1.28	28.0 ± 0.27	73.9	90.6
		♂	50	117.8 ± 0.77	25.3 ± 0.20		
	2) 1965 S	♀	50	105.2 ± 0.90	17.7 ± 0.21	76.9	97.5
		♂	50	81.0 ± 0.55	17.2 ± 0.16		
	3) 1966 F	♀	50	137.2 ± 1.24	23.4 ± 0.30	74.4	91.9
		♂	50	102.1 ± 0.82	21.5 ± 0.27		
	4) 1966 S	♀	50	137.8 ± 1.02	24.6 ± 0.21	77.0	95.0
		♂	50	106.1 ± 0.75	23.4 ± 0.19		
	5) 1967 F	♀	50	146.8 ± 1.05	27.5 ± 0.26	72.5	89.7
		♂	50	106.5 ± 0.71	24.7 ± 0.23		
	6) 1967 S	♀	50	148.3 ± 1.19	26.0 ± 0.25	77.7	93.1
♂		50	115.2 ± 0.86	24.2 ± 0.22			
7) " "	♀	50	134.8 ± 1.78	22.9 ± 0.26	81.9	94.7	
	♂	50	110.4 ± 0.80	21.6 ± 0.15			
8) 1968 F	♀	50	144.1 ± 1.24	27.1 ± 0.24	73.6	89.5	
	♂	50	106.1 ± 0.68	24.2 ± 0.22			
9) 1969 S	♀	50	163.5 ± 1.12	29.7 ± 0.23	71.6	84.8	
	♂	50	117.1 ± 0.89	25.2 ± 0.23			
10) 1970 F	♀	50	153.9 ± 1.28	27.3 ± 0.31	76.7	93.7	
	♂	50	118.0 ± 0.73	25.6 ± 0.22			
11) 1970 S	♀	50	146.4 ± 1.06	24.6 ± 0.21	77.3	94.4	
	♂	50	113.1 ± 0.74	23.0 ± 0.18			
S ♀ × C ♂	1) 1965 F	♀	50	150.0 ± 2.81	25.2 ± 0.63	75.0	96.2
		♂	50	112.5 ± 0.89	24.3 ± 0.23		
	2) 1965 S	♀	50	113.8 ± 0.80	18.7 ± 0.18	70.5	93.2
		♂	50	80.2 ± 0.69	17.4 ± 0.18		
	3) 1966 F	♀	50	136.9 ± 1.45	23.1 ± 0.32	78.3	100.3
		♂	50	107.1 ± 0.83	23.2 ± 0.25		
	4) 1966 S	♀	50	153.0 ± 1.22	26.6 ± 0.23	74.6	97.6
		♂	50	114.1 ± 0.55	26.0 ± 0.17		
	5) 1967 F	♀	50	146.7 ± 1.02	26.1 ± 0.20	73.8	94.2
		♂	50	108.3 ± 0.70	24.6 ± 0.21		
	6) 1967 S	♀	50	135.7 ± 1.13	22.6 ± 0.21	76.3	94.5
		♂	50	103.5 ± 0.87	21.3 ± 0.20		
	7) 1968 F	♀	33	150.3 ± 1.58	26.4 ± 0.38	75.4	94.3
		♂	50	113.3 ± 0.88	24.9 ± 0.27		
	8) 1969 S	♀	50	161.1 ± 1.38	26.4 ± 0.26	72.2	91.7
		♂	50	116.4 ± 0.79	24.2 ± 0.23		
	9) 1970 F	♀	50	161.7 ± 1.11	26.7 ± 0.21	72.0	91.3
		♂	50	116.5 ± 0.64	24.4 ± 0.17		
	10) 1970 S	♀	50	160.9 ± 1.12	25.6 ± 0.22	72.1	91.0
		♂	50	116.1 ± 0.83	23.3 ± 0.22		

n: abgewogene Zahl      SF: Standardfehler  
 PG: Puppengewicht in cg      F: Frühling  
 KG: Kokonschichtgewicht in cg      S: Sommer

leich von der reziproken Kreuzung zwischen Rasse S und Rasse T zu 17 Replikationen analysiert worden und ihr  $\delta/\varphi$  Wert ist 73.9% und 88.1% im Fall vom Puppengewicht sowie 93.9% und 105.1% beim Kokonschichtgewicht. Wie aus dem Wert jedes Standardfehlers vermutlich und aus dem  $t$ -Wert ersichtlich ist, sind die reziproken Kreuzungen von drei Kreuzungskombinationen unterscheidbar und ihre Unterschiede sind hochgradig signifikant. Diese Kreuzungskombinationen beziehen sich alle auf diese Rasse T, so kann man annehmen, daß das X-Chromosom von Rasse T eine direkte Ursache für diese umgekehrte Erscheinung des  $\delta/\varphi$  Prozents beim Kokonschichtgewicht ist. Das wird auch unterstützt durch die Varianzanalyse, wie bei den Ergebnissen vom vorhergehenden Kapitel erwähnt.

In bezug auf den Ausdruck dieser Umkehrung gibt es einige Ursachen. NAGATOMO (1960) erklärte, daß diese Erscheinung auf dem Gen bezüglich der Larvendauer beruht und das ein Weibchen der Bastardrasse nach seinem schnellen Wachstum der Larve sein verschlechtertes Kokongewicht mit sich bringt. Zwar ergibt sich kein statistisch gesicherter Unterschied in diesem Versuch, wie oben erwähnt, aber solch eine Neigung läßt sich hier beobachten, so befindet sich ein gleichartiger Mechanismus in diesem Beispiel. Andererseits, wenn eine Beziehung von Voltinismus auf dem Geschlechtschromosom verschieden ist, soll diese Erscheinung beobachtet werden (MUROGA 1943). Die in diesen Versuch verwendeten Rassen haben alle einen gleichartigen Voltinismus., d. h. sie vergehen nur eine Generation im Jahre, so haben sie keine Beziehung mit der Veränderung des Voltinismus. Außer der geschlechtsgebundenen Vererbung des Kokongewichts hat es viele Berichte bezüglich dem Unterschied der reziproken Kreuzung als ein Problem von Heterosis gegeben. Im Fall der Kreuzung zwischen beiden verschiedenen Rassen, die miteinander bei ihrem quantitativen Charakter z. B. Eiergröße äußerst verschieden sind, ist der Unterschied zwischen beiden reziproken Bastardrassen bei ihrem larvalen Gewicht gerade nach der Ausbrütung natürlich signifikant, aber je größer die Larven werden, desto kleiner wird der Unterschied, und zuletzt gibt es keinen Unterschied (SHIMIZU 1949, WATANABE 1959). In bezug auf das Problem von Heterosis berichtete STONAKER (1963), daß der Grad von Heterosis beim Vieh sowie Hausgeflügel je nach den Geschlechtern verschieden ist und dies durch die Zusammensetzung des Geschlechtschromosoms verursacht wird. Aber dieses Problem muß durch reziproke Kreuzung sowie besonders in Beziehung mit der geschlechtsgebundenen Vererbung analysiert werden. Angenommen, daß beide X-Chromosome sich auf den quantitativen Charakter beziehen, würde der Unterschied zwischen Geschlechtern für ihre verschiedene Zusammensetzung

des Geschlchtschromosoms bestehen. Zugleich wurden beide Y-Chromosome der verschiedenen Rassen verglichen, aber es besteht kein erheblicher Unterschied bezüglich dem Ausdruck des Kokongewichts, wie von TAKASAKI und ARATAKE (1951) gezeigt wurden. Auf diese Weise wurde die geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts durch die Rasse T ins klare gebracht.

2) Variabilität bei der Rückkreuzungsgeneration

Die Wirkung des X-Chromosoms der Rasse T ist bei den Versuchen von reziproken Kreuzungen leicht zu unterscheiden, wie oben erwähnt, so wurde die Spaltung des Kokongewichts von diesem Chromosom bei der Rückkreuzungsgeneration weiter untersucht. Angenommen, daß das X-Chromosom der betreffenden Rasse T  $X'$  und das der normalen Rasse S  $X$  wäre, hätten die hier gewonnenen vier Rückkreuzungstypen folgende Zusammensetzungen des Geschlechtschromosoms. Folglich könnte man die charakteristischen Werte je nach den Kreuzungstypen an der Frequenzkurve, an dem Moment und an dem Unterschied zwischen Geschlechtern usw. voraussehen.

Kreuzungstypus	Paarung des Geschlechtschromosoms	nachkommende Zusammensetzung		Unterschied zwischen Geschlechtern
		♀	♂	
<b>F<sub>1</sub>-Bastard</b>				
T ♀ × S ♂	$X'Y \times XX$	$XY$	$XX'$	♀ > ♂
S ♀ × T ♂	$XY \times X'X'$	$X'Y$	$XX'$	♂ > ♀
<b>Rückkreuzung</b>				
A (T ♀ × S ♂) ♀ × T ♂	$XY \times X'X'$	$X'Y$	$XX'$	♂ > ♀
B T ♀ × (T ♀ × S ♂) ♂	$X'Y \times XX'$	$XY, X'Y$	$XX', X'X'$	♀ > ♂
C (S ♀ × T ♂) ♀ × T ♂	$X'Y \times X'X'$	$X'Y$	$X'X'$	♀ > ♂
D T ♀ × (S ♀ × T ♂) ♂	$X'Y \times XX'$	$XY, X'Y$	$XX', X'X'$	♀ > ♂

Beim F<sub>1</sub>-Bastard entsteht die Umkehrung des Kokonschichtgewichts aus der Zusammensetzung des Geschlechtschrosoms bei einer Kreuzung, in der die Rasse T der Vater ist, wie aus dem Ergebnis des vorigen Paragraphen ersichtlich ist. Also erscheinen einige verschiedene Zusammensetzungen des Geschlechtschromosoms bei der Rückkreuzungsgeneration, wie oben gezeigt wurde. Ein Beispiel von diesen Untersuchungen wurde auf Tabelle 3-2-1 gezeigt. Beim Kreuzungstypus A ist die Wirkung des X-Chromosoms nur im Weibchen unabhängig vom Y-Chromosom genügend erschienen, während die Wirkung des besonderen X-Chromosoms beim Männchen vom normalen

TABELLE 3-2-1. Kokongewicht von den Rückkreuzung  
durch die Rasse S und Rasse T

(1966, Sommer)

Kreuzungstypus	<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	VK (%)		♀/♂ Wert (%)		
				PG	KG	PG	KG	
A	♀	83	100.7 ± 0.91	14.6 ± 0.17	8.22	10.84	89.9	108.9
	♂	90	90.3 ± 0.77	15.9 ± 0.17	7.28	10.02		
B	♀	73	102.6 ± 1.62	14.6 ± 0.24	13.52	14.24	75.7	96.6
	♂	64	77.7 ± 1.38	14.1 ± 0.24	11.07	13.61		
C	♀	83	88.3 ± 0.86	12.9 ± 0.16	8.91	11.25	75.5	91.5
	♂	85	66.7 ± 0.65	11.8 ± 0.14	6.00	10.81		
D	♀	88	105.1 ± 1.25	14.9 ± 0.17	11.16	10.38	79.3	97.3
	♂	90	83.3 ± 0.98	14.5 ± 0.16	9.30	10.74		

*n*: abgewogene Zahl  
 PG: Puppengewicht in cg  
 KG: Kokonschichtgewicht in cg  
 SF: Standardfehler  
 VK: Variabilitätskoeffizient

verborgen ist. In Wirklichkeit nähert sich der männliche Wert dem weiblichen bis zu einem gewissen Grad und er erreicht etwa 90% des Puppengewichts des Weibchens, und weiter, wie erwartet, kehrt er schließlich beim Kokonschichtgewicht um. Dieser ♂/♀ Wert ist wesentlich verschieden im Vergleich mit den Werten von den anderen Kreuzungstypen (B-D). Beim Kreuzungstypus B zeigt sich eine Spaltung des Genotypus bei den beiden Geschlechtern, aber sie sind mit dem bloßen Auge nicht unterscheidbar, sondern durch den Wert vom Grad der Zerstreuung zu vermuten. Wenn seine Population genügend groß wäre, würde sie eine zweigipflige Frequenzkurve zeigen. Bei dieser Kreuzung soll auch zugleich die Umkehrerscheinung des Kokonschichtgewichts teilweise entstehen. Der Kreuzungstypus C hat die gleichartige Zusammensetzung vom Geschlechtschromosom der Rasse T außer dem Y-Chromosom, so muß das Verhältnis zwischen Geschlechtern keine Umkehrung zeigen. Der wirkliche Mittelwert des Kokongewichts wird ziemlich kleiner als die Werte von den anderen Kreuzungstypen. Daraus könnte es keinen Unterschied zwischen den beiden Y-Chromosomen bei der Rasse S bzw. der Rasse T geben. Der Kreuzungstypus D stimmt eben mit dem Kreuzungstypus B überein, so wurden einige Werte z. B. der wirkliche Wert vom Kokongewicht, Variabilitätskoeffizient, ♂/♀ Prozent usw. verglichen, aber sie sind schwer voneinander abzuheben. Ihre Mittelwerte wurden der Größe nach in der Reihenfolge geordnet:  $B \doteq D > A \doteq C$  beim Weibchen und  $A > B \doteq D > C$  beim Männchen. Das erscheint

ungefähr in der erwarteten Reihenfolge beim Puppengewicht sowie beim Kokonschichtgewicht. Jeder Variabilitätskoeffizient, der einen Maßstab relativer Variation zeigt, wird bei den beiden Kreuzungstypen A und C kleiner, während er sich bei den anderen Kreuzungstypen B und D vergrößert. Dieses Verhältnis ist besonders beim Puppengewicht deutlicher als beim Kokonschichtgewicht, wie aus Tabelle 3-2-1 ersichtlich ist. Bei den beiden Kreuzungstypen A und C sind die Formen der Häufigkeitskurve immer eingipflig und ihre Werte vom hochdimensionalen Moment nähern sich folglich doch etwa dem Satz der normalen Kurve. Dagegen werden die beiden Werte bei den Kreuzungstypen B und D größer, und zugleich zeigen sich ihre Formen der Kurve meistens klar zweigipflig und weiter gibt es negative Werte beim vierdimensionalen Moment nämlich eine relativ flachere Kurve. Diese Tatsachen unterstützen den Bestand der hauptgenlichen Kontrolle vom Geschlechtschromosom und seine Wirkung kommt besonders beim Puppengewicht in diesem Beispiel vor.

### 3) Zusammenhänge mit der praktischen Rasse

Der Effekt vom X-Chromosom der Rasse T auf der Kontrolle eines quantitativen Charakters wurde schon festgestellt. Wie kommt diese Erscheinung dann bei der Kreuzung mit den praktischen Rassen vor? Um diesen Zusammenhang klarzumachen, wurden der nächste Versuch durchgeführt. Die beiden praktischen Rassen, C131 und N131, die relativ neulich hergestellt wurden und zugleich die geschlechtsbeschränkte Vererbung zeigen, wurden dabei aufgenommen. Diese praktischen Rassen haben ihre besondere Eigentümlichkeit die Farbe der Larve nach Geschlecht einzuteilen und sind vor allem dadurch für ihre Eierproduktion hervorragend. Die Rasse C131 ist etwas besser als die Rasse N131 in ihrem Kokongewicht.

Der reziproke Kreuzungsversuch fand mit zwei Replikationen statt, und seine Ergebnisse wurden auf Tabelle 3-3-1 gezeigt. Erstens zeigt das Puppengewicht im Fall von Kreuzung mit der Rasse C131 1.5 g beim Weibchen bzw. 1.2 g beim Männchen, wenn die Rasse T als Mutter verwendet wurde, folglich zeigt das ♂/♀ Prozent ungefähr 80%, dagegen nähert sich der Unterschied zwischen den Geschlechtern beim Kokonschichtgewicht, und erreicht etwa 95%. In der reziproken Kreuzung sind die beiden Gewichte nur beim Weibchen ziemlich leichter, während sie keine Veränderung im Vergleich mit den wirklichen Werten von der oben erwähnten Kreuzung beim Männchen zeigen, so erreicht der ♂/♀ Wert beim Puppengewicht etwa 90%, und er übertrifft schließlich 100% beim Kokonschichtgewicht, nämlich zeigt sich eine umgekehrte Erscheinung des Kokongewichts. Das Ergebnis der Kreuzung mit der Rasse N131 zeigt eine Eigentümlichkeit, daß der

TABELLE 3-3-1. Kokongewicht in der Kreuzung  
mit der praktischen Rasse

(1971, Sommer)

Kreuzungstypus	n	PG ± SF	KG ± SF	r	♀/♂ Wert (%)			
					PG	KG		
T × C131	1	♀	50	145.1 ± 1.28	31.2 ± 0.34	0.88	82.1	95.2
		♂	50	119.1 ± 1.05	29.7 ± 0.35	0.89		
	2	♀	50	155.1 ± 1.05	34.3 ± 0.29	0.59	78.9	94.2
		♂	50	122.4 ± 0.85	32.3 ± 0.27	0.84		
C131 × T	1	♀	44	134.1 ± 0.84	29.8 ± 0.22	0.71	90.5	105.7
		♂	49	121.4 ± 0.97	31.5 ± 0.29	0.79		
	2	♀	50	125.4 ± 1.03	28.4 ± 0.31	0.82	90.4	102.1
		♂	50	113.3 ± 0.67	29.0 ± 0.24	0.76		
T × N131	1	♀	50	156.8 ± 2.01	29.4 ± 0.40	0.89	73.3	88.4
		♂	50	114.9 ± 1.11	26.0 ± 0.33	0.88		
	2	♀	50	153.1 ± 2.56	30.5 ± 0.52	0.96	72.1	86.6
		♂	50	110.8 ± 1.66	26.4 ± 0.45	0.95		
N131 × T	1	♀	50	116.8 ± 1.09	22.1 ± 0.25	0.89	92.0	112.7
		♂	50	107.5 ± 1.23	24.9 ± 0.32	0.89		
	2	♀	50	121.6 ± 1.17	23.5 ± 0.26	0.91	91.9	109.8
		♂	50	111.7 ± 1.15	25.8 ± 0.28	0.85		

n: abgewogene Zahl  
 PG: Puppengewicht in cg  
 KG: Kokonschichtgewicht in cg  
 SF: Standardfehler  
 r: Korrelationskoeffizient

männliche Wert etwas nachstehend ist, während der weibliche Wert im Kreuzungstypus T ♀ × N131 ♂ keine Veränderung im Vergleich mit der Kreuzung zwischen Rasse T und Rasse C131 zeigt. Also zeigt der ♂/♀ Wert eine fallende Tendenz wie 73% beim Puppengewicht bzw. 88% beim Kokonschichtgewicht. In der reziproken Kreuzung wird das weibliche Kokongewicht in hohem Grad leichter, während das männliche mit dem von der reziproken Kreuzung nicht leicht zu unterscheiden ist, infolgedessen erreicht der ♂/♀ Wert beim Puppengewicht über 90% und beim Kokonschichtgewicht ungefähr 110%, so kann man eine umgekehrte Erscheinung feststellen.

Diese Verhältnisse sind zwar je nach den Rassen etwas verschieden, aber der Bestand der geschlechtsgebundenen Vererbung beim Kokongewicht ist auch in diesem Versuch durch diese umgekehrte Erscheinung klargestellt worden. Eine Kontrolle des Kokongewichts vom besonderen X-Chromosom

der Rasse T wurde dabei beobachtet, und ihr Mechanismus scheint ein indirekter Einfluß durch den Faktor bezüglich der Larvendauer zu sein. Meistens beginnt das Weibchen in denselben Fällen von Umkehrung des Kokonschichtgewichts früher als das Männchen zu spinnen, aber es läßt sich in vielen Fällen bei den beiden Geschlechtern statistisch kein ausgeprägter Unterschied feststellen.

**4) Zusammenhänge mit der Polyploidie**

In bezug auf das Kokongewicht der Polyploidie von Seidenraupen gibt es kaum Berichte außer dem von KAWAGUCHI (1937) und von SATO und KAYANO (1937). Schwierigkeit der Ausbildung der Polyploidie ist eine direkte Ursache, warum diese Art von Untersuchungen so schwierig ist. Die Polyploidie von Seidenraupen ist an sich bereits von einigen Forschern untersucht worden, aber es ist nicht leicht, eine Menge Polyploidien auf einmal zu erhalten. TAKIZAWA und TAMAZAWA (1968) haben dieses Problem durch eine Behandlung mit niedriger Temperatur bei Eiern direkt nach dem Eierlegen gelöst. In diesem Versuch wurde diese oben erwähnte Methode verwendet, und die Kreuzung zwischen der Rasse R und der Rasse T wurde durchgeführt, um die Veränderung des quantitativen Charakters mit der Ausbildung der Polyploidie, nämlich die Verdoppelung des besonderen Geschlechtschromosoms zu bestätigen.

Ergebnisse der Analyse wurden auf Tabelle 3-4-1 und 3-4-2 gezeigt. Wie man auf einen Blick aus Tabelle 3-4-1 ersehen kann, kommt der

TABELLE 3-4-1. Kokongewicht in der Kreuzung zwischen Rasse R und Rasse T mit Polyploidie in Beziehung stehend (1969, Herbst)

Kreuzungstypus	Polyploidie	<i>n</i>	PG ± SF	KG ± SF	<i>r</i>	
T ♀ × R ♂	2 <i>n</i>	♀	47	122.8 ± 3.6	17.6 ± 0.7	0.89
		♂	90	92.7 ± 1.7	17.6 ± 0.4	0.89
	4 <i>n</i>	♀	62	128.3 ± 2.5	17.9 ± 0.5	0.88
		♂	28	91.7 ± 3.8	15.4 ± 0.9	0.95
R ♀ × T ♂	2 <i>n</i>	♀	21	95.1 ± 4.3	13.1 ± 0.8	0.73
		♂	21	97.2 ± 3.1	19.3 ± 0.6	0.95
	4 <i>n</i>	♀	81	105.0 ± 1.5	13.9 ± 0.3	0.88
		♂	68	91.9 ± 1.8	15.3 ± 0.3	0.87

- n*: abgewogene Zahl
- PG: Puppengewicht in cg
- KG: Kokonschichtgewicht in cg
- SG: Standardfehler
- r*: Korrelationskoeffizient

TABELLE 3-4-2. Vergleich der verschiedenen Eigenschaften und ihr *t*-Verfahren

			PG	<i>t</i> -Wert	KG	<i>t</i> -Wert
1) Geschlecht (♀/♂)						
T ♀ × R ♂	2n	XX'/XY	75.5%	8.658**	99.7%	0.064
	4n	XXX'X'/XXYY	71.5	8.175**	86.1	2.794**
R ♀ × T ♂	2n	XX'/X'Y	102.2	0.413	147.2	6.833**
	4n	XXX'X'/X'X'YY	87.5	5.806**	109.8	3.320**
2) Ployploidie (4n/2n)						
T ♀ × R ♂	♀	XXYY/XY	104.5	1.288	101.7	0.385
	♂	XXX'X'/XX'	99.0	0.267	87.8	2.293*
R ♀ × T ♂	♀	X'X'YY/X'Y	110.4	2.347*	106.2	1.090
	♂	XXX'X'/XX'	94.6	1.164	79.1	4.743**
3) reziproke Kreuzung (T ♀ × R ♂)/(R ♀ × T ♂)						
2n	♀	XY/X'Y	129.1	3.577**	134.6	3.155**
	♂	XX'/XX'	95.4	0.919	91.2	1.322
4n	♀	XXYY/X'X'YY	122.1	8.599**	136.9	8.217**
	♂	XXX'X'/XXX'X'	99.8	0.055	101.1	0.224

\*\* einen gesicherten Unterschied ergeben ( $P < 0.01$ )

\* " (P &lt; 0.05)

X: Geschlechtschromosom von der Rasse R

X': " T

Unterschied zwischen den Geschlechtern äußerst deutlich hervor, und der ♂/♀ Wert kehrt bei einer Kreuzung, die die Rasse T als Vater hat, sogar beim Puppengewicht um. So wurde der ♂/♀ Wert in den verschiedenen Kreuzungen bzw. Polyploidie verglichen. Beim Puppengewicht sind diese Unterschiede zwischen Geschlechtern signifikant in der Richtung ♀ > ♂, während das im Fall von der Kreuzung (R ♀ × T ♂) sich gegenseitig nähert und schließlich umgekehrt ist, und der Inhalt von diesen Verhältnissen ist ungefähr gleichartig mit den Kreuzungen mit den anderen verschiedenen Rassen. Auch beim Kokonschichtgewicht zeigt es eine ähnliche Tendenz im Vergleich mit den verschiedenen Kreuzungen. Da diese Kreuzung die relativ wenig geprüften Zahlen hat ( $n=21$ ), so fand eine Kompensation von ihrem Standardfehler statt. Aus dem Wert von Standardfehlern kann man eine gewisse Vertrauensgrenze durch eine statistische Methode bestimmen. Angenommen, daß der männliche Wert klein und dagegen der weibliche groß wäre, würde die Schlußfolgerung in der 95% Vertrauensgrenze sein. Mit Hilfe dieser Annahmen kann die Theorie weiter entfaltet werden. Zum Beispiel wird der korrigierte Wert beim Puppengewicht wie folgt berechnet:

$$\varphi \quad 95.1 + 4.3 \times t(20, 0.05 = 2.086) = 104.1$$

$$\delta \quad 97.2 - 3.1 \times t(20, 0.05 = 2.086) = 90.7$$

Diese korrigierten Werte lassen sich auch beim Kokonschichtgewicht als  $\varphi$  14.9 cg  $\delta$  18.0 cg berechnen. Der korrigierte  $\delta/\varphi$  Wert ist beim Puppen-  
gewicht 87.1% bzw. beim Kokonschichtgewicht 126.8%, und das zeigt eine  
allgemeine Tendenz bei den verschiedenen Kreuzungen zwischen der Rasse  
T und den normalen Rassen. Wenn die Daten sich weiter vermehren, muß  
sich jeder Wert diesem korrigierten nähern. Im Vergleich der Polyploidie  
wurde der  $4n/2n$  Wert je nach den Kreuzungstypen sowie Geschlechtern  
berechnet. Im Fall des Vergleichs des Weibchens werden diese Werte  
etwas größer und ein Versuch, in dem ein besonderes X-Chromosom von  
der Rasse T verglichen wurde, ergab einen gesicherten Unterschied auf dem  
Niveau 0.05. Aber dieser Unterschied zwischen  $4n$  und  $2n$  verschwindet,  
wenn der oben erwähnte korrigierte Wert in diesem Vergleich gebraucht  
wird, so scheint es, daß man keinen gesicherten Unterschied finden könnte.  
Dagegen wird der  $4n/2n$  Wert beim Männchen immer kleiner und dieser  
Unterschied ist beim Kokonschichtgewicht hochgradig signifikant. Ein  
Vergleich der reziproken Kreuzungen wurde dann durchgeführt, und das  
Ergebnis der statistischen Analyse durch  $t$ -Verfahren unterstützt die Zu-  
sammensetzung der beiden verschiedenen Geschlechtschromosome, und dieses  
Verhältnis wurde auch bei den Polyploidien beobachtet.

Auf diese Weise sind die Ergebnisse vom Kokonschichtgewicht wie  
folgt :

$$\varphi \quad XXYY \doteq XY > X'X'YY \doteq X'Y$$

$$\delta \quad XX' > XXX'X'$$

Beim Weibchen zeigt die Polyploidie eine quantitative Zunahme und das  
stimmt mit dem Ergebnis von KAWAGUCHI (1937) überein, aber ihr Grad  
ist in diesem Versuch nicht so bemerkenswert. Wenn das spezielle X-  
Chromosom von der Rasse T sich auf Polyploidie bezieht, ist die quantitative  
Veränderung ein wenig kompliziert, und beim Weibchen ist die Polyploidie  
etwas größer als bei den normalen, aber dieses Verhältnis ist beim Männchen  
umgekehrt. Nämlich kommt der Effekt von der Polyploidie auf das Kokon-  
gewicht je nach den Geschlechtern verschieden vor. Der Grund dieser  
Erscheinung besteht in der Zusammensetzung des Geschlechtschromosoms,  
und in diesem Stadium der Entwicklung sind unklare Punkte noch zahlreich,  
aber das wird künftig im Vergleich mit der  $3n$  Polyploidie noch weiter  
analysiert.

### 5) Simulation bezüglich der Genanalyse

Die Frequenzkurve des Kokongewichts hängt, wie bereits erwähnt, von der Zusammensetzung des Geschlechtschromosoms in den verschiedenen Rückkreuzungstypen ab. In den Rückkreuzungstypen bezüglich der Kreuzung zwischen der Rasse O und der Rasse T, in denen man den  $F_1$ -Bastard als Vater gebraucht, zeigt das nachkommende Weibchen die beiden Phänotypen, ölartig und normal, und zwar hat jeder Phänotypus eine besondere Verteilung des Kokongewichts durch den Austausch von den beiden X-Chromosomen. Wenn die Wirkung vom besonderen X-Chromosom der Rasse T außergewöhnlich stark wäre und den Ausdruck des Kokongewichts unterdrücken würde, würde seine Frequenzkurve eine zweigipflige Verteilung zeigen. Wenn diese beiden Verteilungen in einem Phänotypus klar getrennt werden könnten, könnte man den Rekombinationswert mit der ordentlichen Methode direkt berechnen. Aber diese zweigipflige Verteilung ist wirklich nicht leicht zu unterscheiden, obgleich sie relativ schief ist und ihre Varianz ziemlich groß geworden ist. Daraus entsteht ein wichtiges Problem, eine Verdoppelung zu analysieren.

Ergebnisse der Rückkreuzung wurden auf Tabelle 3-5-1 gezeigt, und in diesem Fall wurde nur der ölartige Phänotypus vom Weibchen aufgenommen, um die Einzelheiten seiner Frequenzverteilung des Puppengewichts zu analysieren. Aus dem Wert von jeder Standardabweichung kann man eine theoretische Verteilung feststellen. Auf diese Weise wurde jeder theoretische Wert je nach den Grenzen von jeder Standardabweichung als ein Maßstab berechnet und die Anpassung zur normalen Verteilung wurde mit dem  $\chi^2$ -Verfahren untersucht (WATSON 1957). Wie aus Tabelle 3-5-2 ersichtlich ist, zeigt dieser Wert von den sämtlichen Daten eine gewisse schiefe Verteilung. Als die Quelle dieses Einflusses könnte man wohl vermuten: Einige

TABELLE 3-5-1. Puppengewicht in der Rückkreuzung  
zwischen Rasse O und Rasse T

(1971, Herbst,  $T\varphi \times F_1\delta$ , Weibchen ölartig, 3 Replikationen)

	<i>n</i>	PG $\pm$ SF	S
Versuch 1	54	135.9 $\pm$ 0.98	14.6
2	38	123.4 $\pm$ 2.61	16.1
3	164	130.1 $\pm$ 1.09	13.9

*n*: abgewogene Zahl  
PG: Puppengewicht in cg  
SF: Standardfehler  
S: Standardabweichung

TABELLE 3-5-2.  $\chi^2$ -Verfahren der oben gezeigten Daten für die Anpassung mit der normalen Verteilung

	-3S	-2S	-S	+S	+2S	+3S	Gesamt	$\chi^2$
Versuch 1	4	4	15	24	7	0	54	11.57
2	1	5	10	16	5	1	38	1.42
3	7	17	58	55	26	1	164	6.88
Gesamt	12	26	83	95	38	2	256	12.52
Erwartungswert	5.8	34.8	87.4	87.4	34.8	5.8		7.35 (=H)

H: Homogenität

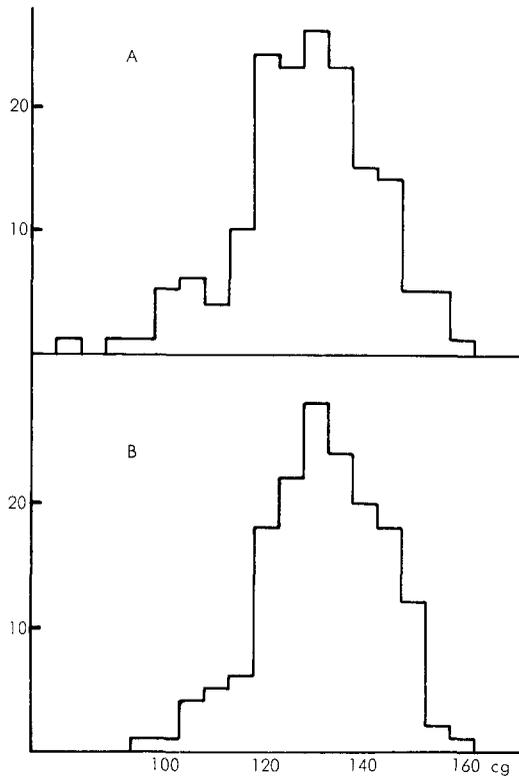
S: Standardabweichung

TABELLE 3-5-3. Vermutung des Rekombinationswerts (%) bezüglich dem korrigierten Wert von der normalen Verteilung

P	95% Vertrauensgrenze		
	$t \times SF$	Umfänge	
1/256 = 0.39	0.76	—	1.15
2/256 = 0.73	1.08	—	1.86
3/256 = 1.17	1.32	—	2.49
4/256 = 1.56	1.52	0.04	3.08
5/256 = 1.95	1.70	0.25	3.65
6/256 = 2.34	1.85	0.49	4.19
7/256 = 2.73	2.00	0.73	4.73
8/256 = 3.13	2.13	1.00	5.26
9/256 = 3.52	2.26	1.26	5.78
10/256 = 3.91	2.37	1.54	6.28
11/256 = 4.30	2.48	1.82	6.78
12/256 = 4.69	2.59	2.10	7.28

$$t \times SF = 1.96 \times \sqrt{P(1-P)/n}$$

Individuen von diesem ölartigen Phänotypus haben eine besondere Wirkung bezüglich dem Ausdruck des Kokongewichts durch Austausch aus dem X-Chromosom von der Rasse T. Figur 3-5-1 zeigt ein Beispiel dieses Zustands, und zugleich wird ein Histogramm von einer Normalverteilung mit dem gleichartigen Mittelwert bzw. Standardabweichung durch eine Simulation hinzugefügt. Eine Berechnung nach dieser Methode von BOX und MÜLLER ist sehr mühselig, so wurde eine elektronische Rechenmaschine verwendet.



Figur 3-5-1. Vergleich des Puppengewichts beim ölartigen Phänotypus

A : wirkliche Frequenz (N=164)

B : theoretische Frequenz (N=164)

Angenommen, daß eine quasigleichmäßige zufällige Zahlenfolge, die durch die Kongruenzmethode mit dem gemischten Typus entstanden ist, auf der Grenze  $[0, 1]$

$$U_1, U_2, U_3, \dots$$

ist, dann

$$Z_i = s(-2 \log_e U_i)^{\frac{1}{2}} \sin(2\pi U_{i+1}) + u \quad (i = 1, 2, \dots, n)$$

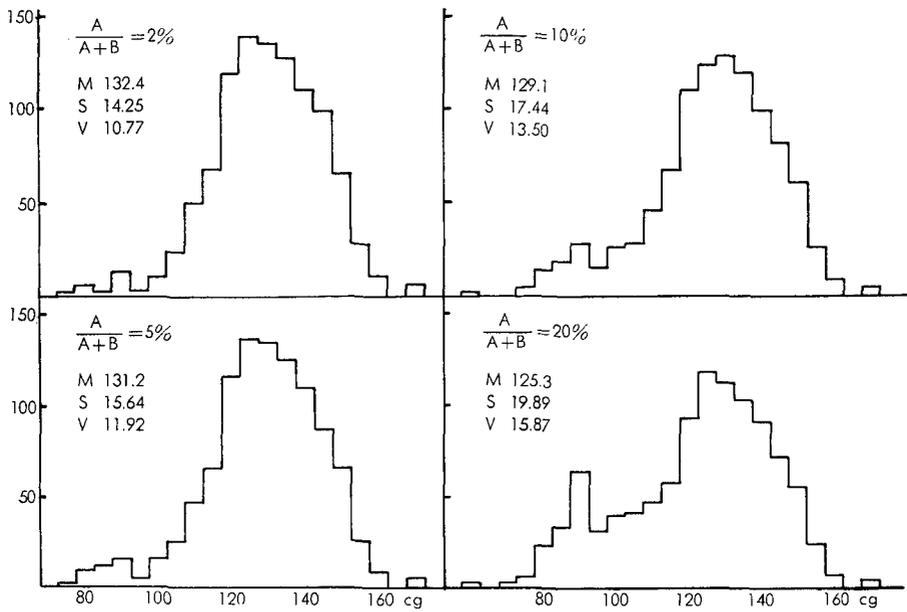
wobei  $s$  und  $u$  jeder für sich eine Standardabweichung bzw. ein Mittelwert dieser Normalverteilung sind. Aus der Figur 3-5-1 kann man einige übrige Individuen, die in der Grenze von  $-3s$  verteilt sind und wahrscheinlich durch Austausch des X-Chromosoms herbeigeführt sind, vermuten. Aber ihre genauen Zahlen des Austausches sind nicht leicht zu vermuten, so

TABELLE 3-5-4. Frequenzverteilung der gemischten Zufallszahlen durch Simulation

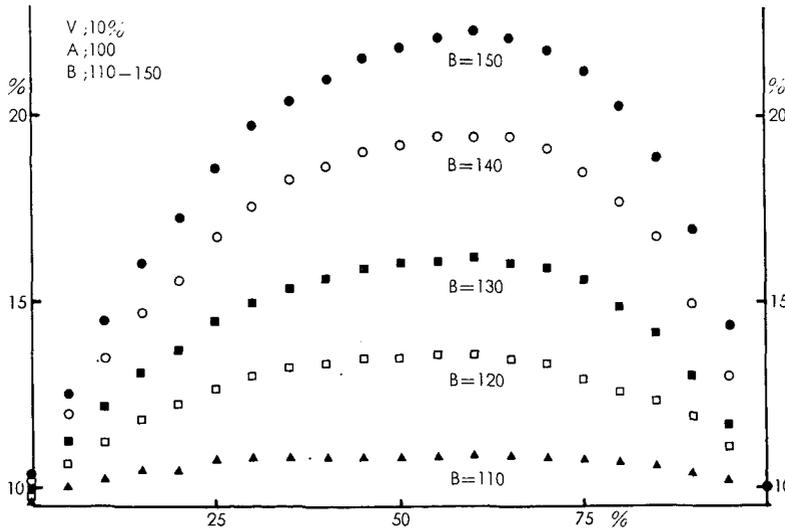
	A	B	G	A	B	G	A	B	G	A	B	G
60- 64								1	1		1	1
65- 69												
70- 74											2	2
75- 79		1	1		1	1		4	4		5	5
80- 84		5	5		9	9		13	13		22	22
85- 89		2	2		11	11		17	17		33	33
90- 94	1	10	11	1	14	15	1	26	27	1	51	52
95- 99	2		2	2	3	5	2	12	14	2	29	31
100-104	8	1	9	8	8	16	8	18	26	7	32	39
105-109	22	1	23	22	4	26	22	6	28	22	18	40
110-114	49		49	47		47	45	1	46	41	5	46
115-119	68		68	65		65	65	2	67	55	2	57
120-124	119		119	115		115	109		109	92		92
125-129	140		140	136		136	123		123	117		117
130-134	136		136	134		134	128		128	111		111
135-139	128		128	123		123	118		118	102		102
140-144	111		111	108		108	99		99	90		90
145-149	89		89	86		86	82		82	71		71
150-154	66		66	64		64	61		61	54		54
155-159	27		27	26		26	25		25	25		25
160-164	9		9	8		8	8		8	6		6
165-169												
170-174	5		5	5		5	4		4	4		4
	980	20	1000	950	50	1000	900	100	1000	800	200	1000

A: Mittelwert 133, Standardabweichung 13.3      G: Gesamtzahl (A+B)  
 B: "      95,      "      9.5

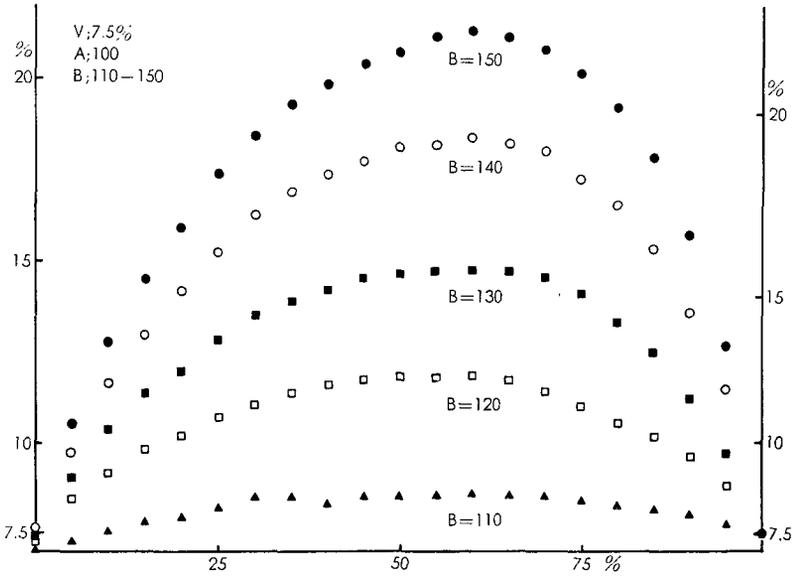
wurde der Rekombinationswert in einigen Fällen von 1/256 bis 12/256 berechnet, wie auf Tabelle 3-5-3 gezeigt wurde. Aus dem Wert von Standardfehlern kann man zugleich auch die 95% Vertrauensgrenze berechnen, infolgedessen besteht der Rekombinationswert in der Grenze von 2% bis 7% beim äußersten Fall. Auf diese Weise könnte die betreffende Wirkung auf dem X-Chromosom in der Nähe von der *os* Genlage sein. Das stimmt ungefähr mit dem *Lm* Gen auf diesem Chromosom überein (MOROHOSHI und MEZAKI 1957).



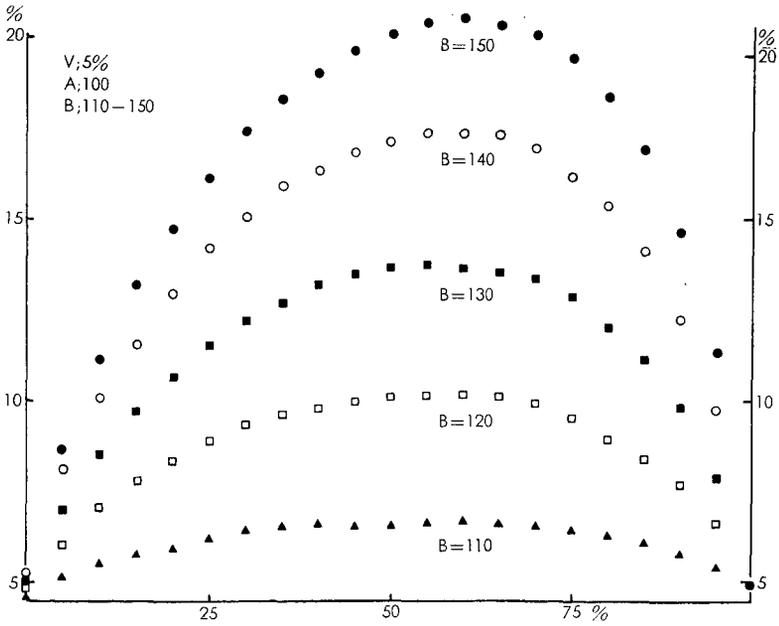
Figur 3-5-2. Vergleich der verschiedenen Frequenzkurven durch ein Gemisch ( $A/(A+B) \%$ ,  $A: 92.4 \pm 0.30$  cg,  $B: 120.5 \pm 0.38$  cg,  $N=1000$ )



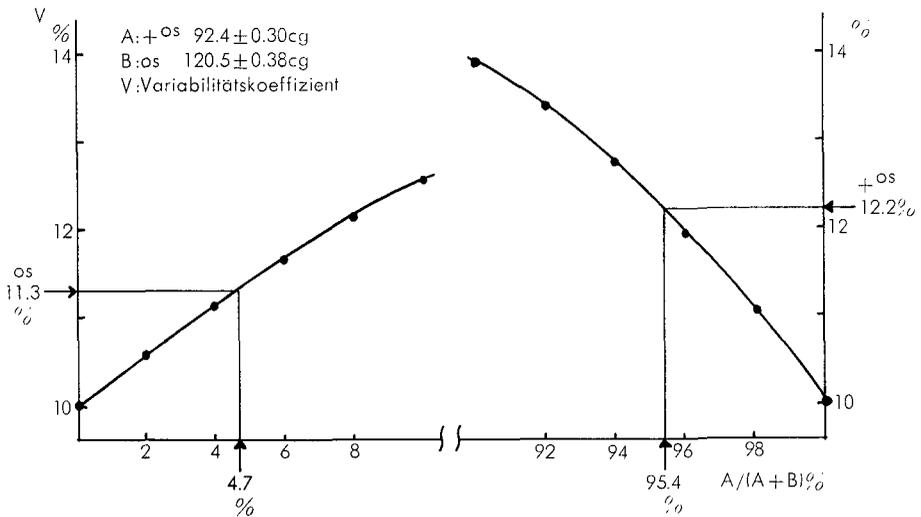
Figur 3-5-3. Veränderung des Variabilitätskoeffizienten beim Gemisch von den beiden Normalverteilungen (A, B)  
 Abszisse; Gemischprozent  $A/(A+B)$   
 Ordinate; Variabilitätskoeffizient



Figur 3-5-3. (Fortsetzung)



Figur 3-5-3. (Fortsetzung)



Figur 3-5-4. Vermutung des Rekombinationswerts durch einen Simulationsversuch

Dieses Problem kann man zu einer statistischen Analyse, in der das gemischte Prozent von den beiden verschiedenen Populationen geändert wird, gelangen lassen, so wurde ein Versuch der Simulation von der elektronischen Rechenmaschine erfunden. Angenommen, daß der Mittelwert von Population A 100 und Population B 110 wäre und der Wert von ihrem Variabilitätskoeffizienten beide 10% wäre, würden die verschiedenen statistischen Werte von einer sämtlichen Population (A+B) sich nach dem Verhältnis vom Gemisch ( $A/(A+B)$ ) ändern. Dadurch kann man theoretisch den Rekombinationswert vermuten. Zum Beispiel ändert sich der Mittelwert dieser Population von 100 bis 110 in gerader Linie und der Variabilitätskoeffizient zeigt natürlich eine Kurve mit dem gemischten Verhältnis. Obgleich die wirklichen Mittelwerte des Kokongewichts je nach den Versuchen ziemlich ab und zunehmen, sind ihre Variabilitätskoeffizienten verhältnismäßig stabil, so wurde dies aufgenommen. Dieses Verhältnis wurde auf Figur 3-5-2 und 3-5-3 gezeigt. Je größer das gemischte Prozent wird, desto klarer wird die zweifigig Verteilung, und das wird zuletzt genügend gezeigt, wenn das Gemisch im Verhältnis von 50% zu 50% ist. Wenn der Unterschied des Mittelwerts zwischen A und B genügend groß ist, ist die Kurve von Variabilitätskoeffizienten sehr auffallend, und dieses Kurve hat eine gewisse Schiefe, wenn der Unterschied zwischen beiden Populationen größer wird, wie in Figur 3-5-3 angegeben ist. Auf diese Weise

kann man den Rekombinationswert aus dem Wert von Variabilitätskoeffizienten des Kokongewichts der verschiedenen Stichproben vermuten, nämlich das gemischte Prozent von beiden Populationen zeigt direkt den Rekombinationswert und dieser Wert entspricht einem Variabilitätskoeffizienten der wirklichen Stichprobe. Die Form der Kurve ist natürlich gipflig und seine Veränderung von Variabilitätskoeffizienten ist in der Mitte flach sowie an den beiden Seiten auffallend. Diese Form der Kurve beruht auf dem Unterschied des Mittelwerts der beiden Populationen bzw. der Größe der Variation, und diese Methode ist durch den Grad der Krümmung durchaus effektiv, wenn der Rekombinationswert relativ klein ist. Diese Theorie wurde auf die Praxis angewandt, und aus den beiden Mittelwerten vom Puppengewicht ( $+^{os}$ :  $92.4 \pm 0.30$ ,  $os$ :  $120.5 \pm 0.38$  cg) wurde ein Simulationsversuch für das Gemisch durchgeführt. Bei der Kurve von der hier zusammengesetzten Population wurde dieser Variabilitätskoeffizient ( $+^{os}$ : 12.2%,  $os$ : 11.3%) einem entsprechenden Wert angepasst, infolgedessen wurde der Rekombinationswert 4.6% bzw. 4.7% festgestellt, wie aus Figur 3-5-4 ersichtlich ist. Dieser Wert stimmt ungefähr mit der vorhergehenden Vermutung überein, so ist es klar geworden, daß diese betreffende Wirkung auf dem X-Chromosom in der Nähe vom  $os$  Gen liegt. Es scheint, daß solche Untersuchungen bisher noch nicht veröffentlicht worden sind, und obgleich eine genaue Analyse zu diesem Problem noch weiter notwendig ist, könnte die Anwendung von dieser Methode zu den allgemeinen quantitativen Genanalyse nützlich sein.

### Zusammenfassung

Es wurde die quantitative Vererbung des Kokongewichts von Seidenraupen bei den Kreuzungsversuchen zwischen einigen Rassen systematisch untersucht. Wenn man die Ergebnisse zusammenfaßt, so läßt sich folgendes sagen :

- 1) Die Frequenzverteilung des Puppengewichts sowie Kokonschichtgewichts stimmt mehr oder weniger ohne eine Transformation des Maßstabs mit der theoretischen Normalverteilung überein. Also wird die Methode von Varianzanalyse bei diesen quantitativen Charakteren gelten, auch wenn die Stichprobe relativ klein ist.
- 2) Die Korrelationsverhältnisse zwischen den oben erwähnten Charakteren sind auf jeden Fall in hohem Grad signifikant und wenn man dies in einer experimentellen Gleichung ausdrückt, kann die lineare Gleichung als eine gute Näherung betrachtet werden.
- 3) Die wirklichen Kokongewichte zeigen je nach den Versuchen eine

erhebliche Streuung, aber eine Korrelation von den Mittelwerten zwischen Geschlechtern bzw. Charakteren ist bei den vielmaligen Replikationen auch positiv, und dieses Verhältnis kann durch eine nichtparametrische Methode vermutet werden.

4) Die  $\delta/\varphi$  Werte zeigen eine Stabilität und sind nach der Rasse außer der Rasse C, die durch ein Bruchstück vom 2. Chromosom eine geschlechtsbeschränkte Vererbung zeigt, schwer zu unterscheiden.

5) Ein mütterlicher Einfluß ist bei der Vererbung des Kokongewichts stärker und aus dem Wert des Erblichkeitsanteils kann man eine Additionswirkung von den quantitativen Genen auf einigen Chromosomen annehmen.

6) Zwischen einigen qualitativen Phänotypen und dem Kokongewicht besteht eine klare Beziehung, so wurde ein Versuch von der faktorialen Analyse durchgeführt. In der Rückkreuzungsgeneration kommen die Spaltungen der qualitativen Phänotypen vor, so wurden die Mittelwerte je nach den verschiedenen Phänotypen berechnet, und ihre Komponenten wurden durch die Methode von Varianzanalyse abgeteilt.

7) Das X-Chromosom der Rasse T hat eine spezielle Wirkung, den Ausdruck des Kokongewichts niederdrücken. Seine Wirkung ist rezessiv, so kommen die verschiedenen Ergebnisse bezüglich dem  $\delta/\varphi$  Verhältnisse nach den reziproken Kreuzungen vor, obgleich dieses Verhältnis bei der Rasse T keinen speziellen Wert zeigt. Im Gegenteil bezieht sich das Y-Chromosom der Rasse T nie auf diese Erscheinung.

8) Im 2. Chromosom gibt es eine ähnliche Wirkung, aber es ist nicht so auffallend wie im Geschlechtschromosom. Diese Wirkung wurde im Kopplungsverhältnisse zwischen  $p$  und  $Y$  Allelen analysiert und sie könnte in der Nähe von  $p$  Allel liegen.

9) Das 3. Chromosom hat auch dieselbe Wirkung und der Unterschied des Kokongewichts ist in der Richtung  $Ze > +^{ze}$  signifikant, aber es gibt keine Nachricht, ob seine Wirkung aus dem direkten Einfluß vom  $Ze$  Gen stammt oder nicht.

10) Das 10. Chromosom zeigt eine eigentümliche Erscheinung, daß seine Wirkung bezüglich dem Ausdruck des Kokongewichts je nach den Kreuzungskombinationen ziemlich verschieden ist. Es scheint, daß diese Erscheinung auf dem Unterschied von der Verteilung der quantitativen Gene auf diesem Chromosom beruht.

11) Auf dem 11. Chromosom gibt es eine gewisse Wirkung und sie bezieht sich eng auf den Ausdruck des  $K$  Gens. Diese Betrachtung stimmt ausgezeichnet mit der bisherigen Ansicht überein, aber Einzelheiten zu diesem Problem lassen sich künftig im Kopplungsverhältnisse zwischen Phänotypen

auf diesem Chromosom ermitteln.

12) In bezug auf die Spaltung vom *ch* Gen eine konstante Beziehung zu finden, ist schwierig. Dieses Gen, dessen Phänotypus nur gerade nach der Ausbrütung getrennt werden kann, liegt auf dem 13. Chromosom, so könnte der Unterschied des Kokongewichts zwischen den Phänotypen durch die Varianzkomponenten während des Larvenwachstums leicht beeinflußt werden und eine Verwechslung damit nicht unwahrscheinlich sein.

13) In den Fällen der anderen Chromosome ist keine bestimmte Beziehung wegen ihrem Mangel von Daten usw. nachgewiesen worden, obgleich einige von ihnen oft einen auffallenden Effekt zeigen.

14) Um auf die geschlechtsgebundene Vererbung des Kokongewichts von der Rasse T hinzuweisen, fanden die Rückkreuzungsversuche bezüglich den Kreuzungskombinationen zwischen der betreffenden Rasse T und den anderen Rassen statt, und ihre Ergebnisse stimmen recht gut mit der theoretischen Verteilung des Kokongewichts je nach den Kreuzungstypen überein.

15) Der Effekt vom X-Chromosom der Rasse T wurde bei den reziproken Kreuzungen mit der praktischen Rassen C131 bzw. N131 untersucht. Bei jedem F<sub>1</sub>-Bastard, der die praktische Rasse als Mutter hat, nähert sich der ♂/♀ Wert beim Puppengewicht ungefähr 90% und er übertrifft beim Kokonschichtgewicht 100%, wie erwartet wurde.

16) Diese Erscheinung wurde im Zusammenhang mit der Polyploidie analysiert. Wenn das spezielle X-Chromosom von der Rasse T sich auf die Polyploidie bezieht, ist der quantitative Ausdruck des Kokongewichts ein wenig kompliziert, und die Polyploidie ist beim Weibchen etwas größer als bei den normalen, aber es ist beim Männchen umgekehrt.

17) Um die quantitative Wirkung auf dem X-Chromosom zu bestimmen, wurde ein Versuch von der Simulation durchgeführt. Aus dem Kopplungsverhältnisse zwischen dem quantitativen Faktor und dem *os* Gen kann man einen Rekombinationswert vermuten. Aber die ordentliche Methode ist durch die Verdoppelung der Verteilung vom Kokongewicht schwierig anzuwenden.

18) Dieses Problem kann man zu einer mathematischen Analyse umwandeln, in der das gemischte Prozent von den beiden verschiedenen Populationen fortlaufend geändert wird, so wurde ein Versuch der Simulation von der elektronischen Rechenmaschine erfunden. Dabei wurde der Variabilitätskoeffizient als Maßstab vom Gemisch der beiden Normalverteilungen aufgenommen.

19) Aus der Kurve der gemischten Verteilung kann der Rekombinationswert vermutet werden, infolgedessen könnte diese betreffende Wirkung in der

Nähe vom *os* Gen liegen. Das stimmt mit der Vermutung von der anderen Methode überein, in der die wirklichen Daten zur Normalverteilung mit dem *Chi*<sup>2</sup>-Verfahren angepaßt wurde.

20) Es scheint, daß solche Untersuchungen bisher noch nicht veröffentlicht worden sind, und die Anwendung von dieser Methode könnte zu den allgemeinen quantitativen Genanalysen nützlich sein.

21) Diese Erscheinung sollte auf einem Hauptgen beruhen, das sich auf die Wachstumdauer der Larve bezieht, und solch ein auffallender Effekt wurde bei den Autosomen kaum beobachtet, obgleich jeder Effekt auf dem Ausdruck des Kokongewichts durch die Methode von der Varianzanalyse abgeteilt worden ist.

### Danksagung

Meinem verehrten Lehrer, Herrn Prof. Dr. Y. TAKIZAWA möchte ich für die Anregung zu dieser Arbeit sowie für seine vielen Ratschläge herzlichst danken. Herrn Prof. Dr. M. TAKAHASHI und Herrn Prof. Dr. T. NAKASHIMA danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und die vielen wertvollen Diskussionen. Daneben gilt mein besonderer Dank Frau M. UEKI für ihre umsichtige und gewissenhafte Hilfe bei der Grammatik und Herrn Prof. Dr. S. KOSHI für bereitwillige Hilfe bei der Mathematik. Mein Dank gebührt ferner a. o. Prof. S. KATSUNO und allen Institutsangehörigen, die mir Rat und Tat halfen. Herrn S. YASUMURA danke ich für die Überlassung der Seidenraupen.

### Literatur

- ARUGA, H. (1939) Bull. Seric. Exp. Jap. 9: 295-304.  
 BLISS, C. I. (1967) Statistics in Biology. Vol. 1, McGraw-Hill, New York.  
 ————— (1970) Ditto Vol. 2, McGraw-Hill, New York.  
 BOX, G. E. P. (1953) Biometrika 40: 318-335.  
 CHIKUSHI, H. (1960) Rep. Res. Grantes, Miny. Ed. Agr. 245.  
 ————— (1972) Genes and Genetical Stocks of the Silkworm. Keigaku, Tokyo.  
 COCHRAN, W. G. (1957) Biometrics 13: 261-281.  
 COHEN, A. C. Jr. (1957) Biometrika 44: 225-236.  
 COUTAGNE, G. (1902) Bull. Sci. Fr. Belg. 37: 1-194.  
 DOIRA, H. (1973) J. Sericult. Sci. Japan 42: 425-435.  
 FALCONER, D. S. (1964) Introduction to Quantitative Genetics. Oliver & Boyd, Edinburgh.  
 FINNEY, D. J. (1964) Statistical Method in Biological Assay. 2nd ed. Griffin, London.  
 FISHER, R. A. and F. YATES (1963) Statistical Tables for Biological, Agricultural and Medical Research. 6th ed. Oliver & Boyd, Edinburgh.

- FORD, E. B. (1964) *Ecological Genetics*. Methuen, London.
- GEKS, F. J. (1952) *Z. Naturforsch.* 76: 313-320.
- GOLDSCHMIDT, R. (1928) *Einführung in die Vererbungswissenschaft*. fünfte Auflage Springer, Berlin.
- GOULDEN, C. H. (1952) *Methods of Statistical Analysis*. John Wiley & Sons, New York.
- HASHIMOTO, H. (1934) *Bull. Seric. Exp. Sta. Jap.* 8: 465-472.
- (1941) *Bull. Seric. Exp. Sta. Jap.* 10: 359-362.
- (1948) *J. Sericult. Sci. Japan* 16: 62-64.
- HIORTH, G. E. (1963) *Quantitative Genetik*. Springer, Berlin.
- HIROBE, T. (1951) *J. Sericult. Sci. Japan* 20: 77.
- und C. PAL SINGH (1961) *J. Sericult. Sci. Japan* 30: 256.
- KAWAGUCHI, E. (1937) *J. Sericult. Sci. Japan* 8: 121-126.
- KEMPTHORNE, O. (1957) *An Introduction to Genetic Statistics*. John Wiley & Sons, London.
- KOBARI, K. (1933) *Sanshi Kaiho* 42 (496): 59-63.
- (1940) *Bull. Seric. Exp. Sta. Katakura*, 1: 61-101.
- und N. FUJIMOTO (1950) *J. Sericult. Sci. Japan* 19: 270-278.
- und ————— (1966) *J. Sericult. Sci. Japan* 35: 427-434.
- KURASAWA, H. (1968) *J. Sericult. Sci. Japan* 37: 51-56.
- KUWANA, J. (1937) *Jap. J. Zool.* 7: 311-346.
- LINDER, A. (1964) *Statistische Methoden*. Birkhäuser, Basel.
- MATHER, K. (1942) *J. Genetics* 43: 309-336.
- (1949) *Biometrical Genetics*. Methuen, London.
- (1967) *The Element of Biometry*. Methuen, London.
- MATSUMURA, S. (1921) *Sangyo Simpo* 29 (345): 1160-1172.
- MIZUTA, Y. (1958) *J. Sericult. Sci. Japan* 27: 312-320.
- und M. SATO (1965) *J. Sericult. Sci. Japan* 34: 24-31.
- MOROHOSHI, S. und M. MEZAKI (1957) *J. Sericult. Sci. Japan* 26: 257.
- MUROGA, H. (1943) *J. Sericult. Sci. Japan* 14: 250-262.
- (1950) *J. Sericult. Sci. Japan* 19: 150-151.
- NAKADA, T. (1970 a) *J. Facul. Agr. Hokkaido Univ.* 56 (3): 348-358.
- (1970 b) *J. Sericult. Sci. (Tohoku)*, 24: 7-8.
- (1972) *J. Facul. Agr. Hokkaido Univ.* 57 (1): 41-50.
- NAGATOMO, T. (1926) *Bull. Sci. Agr. Soc. Tokyo* 281: 155-174.
- (1960) *J. Sericult. Sci. Japan* 29: 287-288.
- NISHIKAWA, H. (1922) *Sanshi Kaiho* 32: 750-753.
- (1923) *Rep. Seric. Exp. Sta. Chosen (Korea)*, 35: 1-3.
- OGURA, S. (1922) *Jap. J. Genet.* 1: 195-217.
- OLDS, E. G. (1949) *Ann. Math. Statist.* 20: 117-118.
- PEARCE, S. C. (1965) *Biological Statistics*. McGraw-Hill, New York.
- PEARSON, E. S. and M. A. STEPHENS (1964) *Biometrika* 51: 484-487.
- RAO, C. R. (1958) *Biometrics* 14: 1-17.
- REMINGTON, R. D. and M. A. SCHORK (1970) *Statistics with Applications to the*

Biological and Health Sciences. Prentice-Hall, Englewood Cliffs New Jersey.

- ROBERTSON, A. (1959) *Biometrics* 15: 219-226.
- SAIO, K. (1959) *Acta Sericologica* 25: 25-35.
- SATO, H. und I. KAYANO (1937) *J. Sericult. Sci. Japan* 8: 107-120.
- SHAPIRO, S. S. and M. B. WILK (1965) *Biometrika* 52: 591-611.
- SHIMIZU, S. (1949) *J. Sericult. Sci. Japan* 18: 227-234.
- (1966) *J. Sericult. Sci. Japan* 35: 133-134.
- SMITH, C. A. B. (1966) *Biomathematics*. Vol. 1, Griffin, London.
- (1969) *Ditto* Vol. 2, Griffin, London.
- STONAKER, H. H. (1963) *J. Anim. Sci.* 22: 320-325.
- SUZUKI, K. (1939) *Jap. J. Genet.* 15: 183-193.
- (1942) *Jap. J. Genet.* 18: 26-33.
- (1943) *Bull. Seric. Exp. Sta. Jap.* 11: 126-196.
- (1947) *J. Sericult. Sci. Japan* 16: 1-10.
- (1952) *J. Sericult. Sci. Japan* 21: 52.
- und M. ICHIMARU (1956) *J. Sericult. Sci. Japan* 25: 153-157.
- und ————— (1960) *J. Sericult. Sci. Japan* 29: 501-505.
- TAJIMA, Y. (1941) *J. Sericult. Sci. Japan* 12: 184-188.
- (1942) *J. Sericult. Sci. Japan* 13: 81-94.
- (1943) *J. Sericult. Sci. Japan* 14: 69-97.
- , C. HARADA und OTA (1951) *Jap. J. Breeding* 1: 47-50.
- TAKASAKI, T. und Y. ARATAKE (1951) *Jap. J. Breeding* 1: 95-102.
- TAKEI, R. und E. NAGASHIMA (1965) *J. Sericult. Sci. Japan* 34: 215.
- und ————— (1967) *J. Sericult. Sci.* 36: 255.
- TAKIZAWA, Y. und T. NAKADA (1964) *J. Sericult. Sci. Japan* 33: 257-258.
- und ————— (1965) *J. Sericult. Sci. (Tohoku)*, 19: 17-18.
- und ————— (1966) *J. Sericult. Sci. (Tohoku)*, 20: 29-30.
- und ————— (1967 a) *J. Sericult. Sci. Japan* 36: 256.
- und ————— (1967 b) *J. Sericult. Sci. (Tohoku)*, 21: 17.
- und ————— (1968 a) *J. Sericult. Sci. Japan* 37: 250.
- und ————— (1968 b) *J. Sericult. Sci. (Tohoku)*, 22: 17-18.
- und ————— (1970) *J. Facul. Agr. Hokkaido Univ.* 56 (3): 337-347.
- und S. TAMAZAWA (1968) *J. Sericult. Sci. Japan* 37: 248.
- TANAKA, Y. (1913) *J. Coll. Agr. Tohoku Imp. Univ.* 5: 115-148.
- (1916) *J. Coll. Agr. Tohoku Imp. Univ.* 7: 129-255.
- (1917) *Sanshi Kaiho* 26: 5-8.
- (1924) *J. Dep. Agr. Kyushu Imp. Univ.* 1: 135-150.
- (1926) *Sangyo Shimpo* 34 (391): 4-10.
- (1927) *J. Dep. Agr. Kyushu Imp. Univ.* 1: 261-265.
- und M. MATSUNO (1927) *J. Dep. Agr. Kyusht Imp. Univ.* 1: 266-274.
- (1935) *J. Seric. Sci. (Ueda)*, 8: 127.
- (1965) *J. Sericult. Sci. Japan* 34: 216.
- (1966) *J. Sericult. Sci. Japan* 35: 226.
- , T. YOKOYAMA, und S. MOCHIZUKI (1973) *Bull. Seric. Sci. Lab.* 22: 1-5.

- TOYAMA, K. (1906) Bull. Coll. Agr. Tokyo Imp. Univ. 7: 259-393.  
——— (1909 a) Sangyo Shimo 17 (196): 4-7.  
——— (1909 b) J. Coll. Agr. Tokyo Imp. Univ. 2: 85-103.  
——— (1912) Biologisches Zentralblatt 32: 593-607.
- TSUCHIYA, S. und H. KURASHIMA (1957) J. Sericult. Sci. Japan 26: 84-88.  
——— und ——— (1958) J. Sericult. Sci. Japan 27: 253-256.  
——— und ——— (1959) J. Sericult. Sci. Japan 28: 313-316.
- TUN, H. S. (1926) Bull. Sci. Agr. Soc. Tokyo 281: 174-180.
- ÜBERLA, K. (1968) Faktorenanalyse Springer, Berlin.
- UDA, H. (1919) Bull. Seric. Exp. Sta. Jap. 4: 37-85.
- VAN DER WAERDEN, B. L. (1957) Mathematische Statistik. Springer, Berlin.
- WATANABE, H. (1959) J. Sericult. Sci. Japan 28: 352-357.
- WATSON, G. E. (1957) Biometrika 44: 336-348.
- WEBER, E. (1935) Einführung in die Variations- und Erbliehkeits- Statistik. Lehmanns, München.
- WEINBERG, F. (1968) Grundlagen der Wahrscheinlichkeitsrechnung und Statistik sowie Anwendungen im Operations Research. Springer, Berlin.
- WHITE, C. (1952) Biometrics 8: 33-41.
- YASUDA, J. (1954) J. Sericult. Sci. Japan 21: 150.
- YATES, F. (1937) Imper. Bur. Soil Science, Techn. Commun. 35: 1-95.
- YOSHITAKE, N. und H. WATANABE (1960) Jap. J. Genet. 36: 112-121.